



ABB. 1 Helgoland ist Deutschlands einzige echte Hochseeinsel, bekannt eher für Seevögel, Robben und zollfreies Einkaufen als für winzige Bakterien und Algen. Foto: Naomi Esken (Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie).

Süßes Festmahl mit mehreren Gängen

Wie Bakterien Algen vernaschen

RUDOLF AMANN | FANNI ASPETSBERGER

Die alljährliche Algenblüte in der Nordsee ruft Unmengen Bakterien auf den Plan, die die Algen nach deren Tod wieder abbauen. Die dahinterliegenden Prozesse stecken voller Überraschungen und sind von großer Bedeutung für unseren Planeten.

Sie sind so klein, dass man sie mit dem bloßen Auge meist nicht erkennen kann. Ihre Wirkung aber ist so groß, dass sie kaum zu ermessen ist: Gäbe es die Mikroorganismen in den Ozeanen nicht, wäre auf unserer Welt nichts so, wie wir es kennen. Der Grund, warum die kleinen Bewohner so große Macht haben: Sie sind sehr zahlreich und vielfältig. In einem Liter Meerwasser leben bis zu einer Milliarde Mikroorganismen.

Am Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie in Bremen beschäftigen wir uns mit den kleinsten Bewohnern der Ozeane, den Bakterien. Ihre herausragende ökologische Rolle ist der Abbau organischer Substanz. Denn

Bakterien sind meist heterotroph. Das bedeutet, dass sie organisches Material als Energiequelle und zum Aufbau ihrer Körpersubstanz nutzen. Dabei entstehen anorganische Endprodukte, zum Beispiel Kohlendioxid, Nitrat und Phosphat. Diese ermöglichen es sogenannten ► autotrophen Organismen, vor allem Algen und Pflanzen, unter Nutzung einer Energiequelle wie des Sonnenlichts zu wachsen. So spielen Bakterien eine unverzichtbare Rolle im Ökosystem: Sie schließen die Stoffkreisläufe und stellen sicher, dass lebenswichtige Elemente im Ökosystem verfügbar bleiben – so auch in der Nordsee (Abbildung 1).

Alle Jahre wieder in der Nordsee

Jedes Jahr im Frühling, wenn die Tage länger werden und die Sonneneinstrahlung zunimmt, wachsen in der Nordsee mikroskopisch kleine Algen, das Phytoplankton (Abbildung 2). Viele Phytoplanktonarten vermehren sich schnell, ihre Population wächst exponentiell. Fressfeinde kommen mit dem Wachsen kaum nach. Rasch ist das Wasser voll mit Algen. Die sogenannten Blüten färben das Wasser grünlich, so dass sie sogar vom Weltraum aus zu sehen sind. Je nach Art der Algen kann eine solche Blüte manchmal für Mensch und Tier gefährlich werden; in der südlichen

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 53 erklärt.

Nordsee ist sie aber vor allem der Ursprung einer spannenden ökologischen Kaskade. Denn: Die Algenblüten sind für den Kohlenstoffkreislauf von globaler Bedeutung. Im Zuge der Photosynthese wandeln die kleinen Algen Kohlendioxid in Zuckerverbindungen und Sauerstoff um. Durch ihr massenhaftes Wachstum entziehen sie der Atmosphäre große Mengen des Treibhausgases und binden es in ihrer Biomasse. So gesehen müssten sie die steigenden Kohlendioxidkonzentrationen in der Atmosphäre gut abfedern können. Doch sie sind kurzlebig. Der aufgenommene Kohlenstoff bleibt meist nicht lange in den Algenzellen.

Der Reichtum ist nicht von Dauer – auf die Blüte folgt das große Fressen. Innerhalb weniger Wochen gehen den Algen die Nährstoffe aus. Zudem machen sich größere Planktonorganismen – Fische, andere Meeresbewohner und sogar Viren – über sie her. Nach drei bis sechs Wochen färbt sich das Wasser der Nordsee wieder braun. Die Reste dieses Festmahls sind die Grundlage für ein massives Wachstum von Bakterien. Sie bauen die übrig gebliebene Algenbiomasse ab, der gebundene Kohlenstoff wird dabei wieder frei. Nur ein sehr geringer Teil sinkt auf den Meeresboden und verbleibt dort für einen längeren Zeitraum. Diese Vorgänge sind bis heute nicht genau verstanden. Welche Meeresbakterien wachsen wann? Wie verarbeiten sie die Algenbiomasse und setzen den Kohlenstoff wieder frei? Welche Prozesse stecken dahinter? All das sind Forschungsfragen, die wir in den vergangenen Jahren am Bremer Max-Planck-Institut sehr detailliert untersucht haben.

Algenvielfalt, bakterielle Einheit

Die Nordseeinsel Helgoland in der Deutschen Bucht, etwa 50 Kilometer vor dem schleswig-holsteinischen Festland, ist das Zentrum unserer Studien (Abbildung 1). Die sogenannte Kabeltonne, gelegen zwischen der Hauptinsel und der vorgelagerten Düne, ist eine einzigartige Langzeitbeobachtungsstelle. Seit 1873 werden auf Helgoland regelmäßig die Wassertemperatur und der Salzgehalt gemessen, seit 1962 auch Wasserproben entnommen und verschiedene Umweltparameter aufgezeichnet – eine Datensammlung von unschätzbarem Wert. Die Messungen zeigen beispielsweise, dass die Wassertemperatur vor Helgoland in den letzten 50 Jahren um 1,7 Grad Celsius gestiegen ist und wie sich die örtliche Planktongemeinschaft verändert hat [1]. Zwar führen wir erst seit etwa zehn Jahren detaillierte mikrobiologische und molekulare Messungen an den Proben der Kabeltonne durch. Dennoch können wir auf einen umfassenden Datensatz zugreifen, der stetig wächst – ein gutes Beispiel für die Bedeutung von Observatorien in der Umweltforschung, gerade in so stark anthropogen beeinflussten Lebensräumen wie der Nordsee.

Mehrjährige Daten von der Kabeltonne zeigen, dass in den Algenblüten von Jahr zu Jahr unterschiedliche Arten die Oberhand gewinnen [2, 3]. Ein Beispiel: Zwischen 2009 und 2011 waren Kieselalgen die häufigsten Algen in

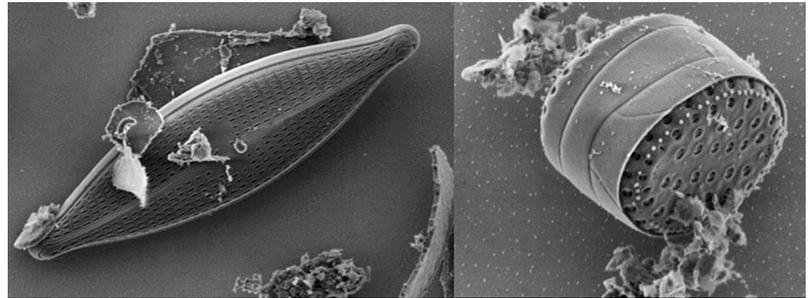


ABB. 2 Schöne Kieselalgen. Den Großteil der autotrophen Organismen im Meer stellt das Phytoplankton: Die einzelligen Algen, die in den oberen Wasserschichten treiben, sind ebenfalls winzig klein und doch riesig im Vergleich zu den Bakterien. In den höheren Breitengraden sind die meisten von ihnen Kieselalgen (Diatomeen), die unter dem Mikroskop durch die faszinierenden Strukturen ihrer Kieselsäurepanzer bestechen. Foto: Sten Littmann (Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie).

der Frühjahrsblüte, während 2012 Silikoflagellaten vorherrschten. Die Pflanzen des Meeres sind anders aufgebaut als die Landpflanzen, etwa nutzen sie häufig den Zucker ▶ Laminarin statt Stärke als Speicherstoff. Bis zu 70 Prozent der Trockenmasse der Algen besteht aus ▶ Polysacchariden: großen Kohlenhydraten, die aus mehreren Zuckermolekülen zusammengesetzt sind. Beim Zusammenbruch der Algenblüte gelangen daher große Mengen dieser Zucker ins Meerwasser. Das verändert dessen mikrobielle Gemeinschaft drastisch. Diese Veränderung hat System, wie wir in den letzten Jahren immer klarer zeigen konnten. So begleiten verschiedene Bakterien verschiedene Phasen der Blüte und zersetzen nach und nach die Algenbiomasse (Abbildung 3). Trotz des unterschiedlichen Nahrungsangebots herrschen aber bei den algenabbauenden Bakterien alljährlich dieselben spezialisierten Gruppen vor. Im grauen Nordseewinter bilden Alphaproteobakterien einen großen Teil der Bakteriengemeinschaft. Sobald die Frühjahrsblüte einsetzt, verändert das den Lebensraum für die Bakterien. Das Menü wird vielfältiger. Zunächst lockern die Algenexsudate, also reguläre Ausscheidungen der lebenden Algenzellen, den Speiseplan der Bakterien

IN KÜRZE

- Phytoplankton und Bakterioplankton stehen im Meer in enger Wechselwirkung.
- Durch kultivierungsunabhängige Methoden konnten wir feststellen, dass das Auftreten verschiedener Bakteriengruppen vor allem von den vorhandenen Algenzuckern abhängt.
- Das erlaubt Rückschlüsse auf die Funktion und die molekulare Zusammensetzung des marinen Kohlenstoffkreislaufs, der auch unser Klima massiv beeinflusst.
- Langzeituntersuchungen, Observatorien und Bioarchive sind unverzichtbar für diese Forschung, die angesichts des Klimawandels besondere Relevanz hat.

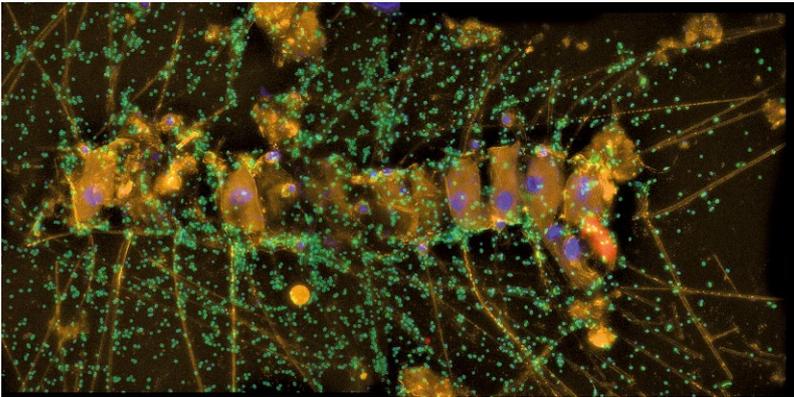


ABB. 3 Bakterien auf Kieselalge. Bild aus dem konfokalen Laser-Scanning-Mikroskop: Zellen von absterbenden Kieselalgen der Gattung *Chaetoceros* (orange mit blau gefärbten Zellkernen), die stark von Flavobakterien (grün) besiedelt sind. Foto: Insa Bakenhus (Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie).

auf, anschließend kommen die absterbenden und toten Algen dazu. Flavobakterien werden zahlreicher, irgendwann „kippt“ die Gemeinschaft und die Flavobakterien dominieren über die Alphaproteobakterien. Etwas später wiederum erfolgt ein Anstieg der Menge an Gammaproteobakterien, die ebenfalls die Algen als Nahrung nutzen. Das wiederholt sich Jahr für Jahr (Abbildung 4).

Was das bedeutet? Offensichtlich ist also nicht die Algenart, sondern deren Bestandteile – jene bereits erwähnten Polysaccharide, aber auch Proteine, Lipide und Nukleinsäuren – entscheidend dafür, welche Bakterien sich vorrangig vermehren. Eine Schlüsselrolle beim Abbau der Algenzucker spielen vermutlich die Flavobakterien.

Der Schritt zur Funktion

Um das besser zu verstehen, richten wir unseren Blick auf das ► marine Mikrobiom: die Gesamtheit aller Mikroorganismen, die im Meer leben. Eine Methode, auf die wir für Analysen der Mikrobengemeinschaft gerne zugreifen, basiert auf einem Schlüsselgen der Mikrobiologie, das eine in allen Bakterien vorkommende Komponente des Ribosoms kodiert: die 16S-rRNA. Wie ein genetischer Fingerabdruck erlaubt uns dieses Gen, Bakterien zu identifizieren – etwa die Flavobakterien. Der Sequenzvergleich der 16S-rRNA bildet letztlich die Basis all unseres bisherigen Wissens über Diversität und Entwicklung der Prokaryoten. Durch die Sequenzierung der 16S-rRNA-Gene ganzer mikrobieller Lebensräume (Mikrobiome) haben wir beispielsweise gelernt, dass wir nur einen Bruchteil, weniger als ein Prozent, der Mikroorganismen, die es in der Umwelt gibt, schon im Labor als Reinkultur gezüchtet haben. Die 16S-rRNA, die uns Auskunft über die Systematik der Bakterien gibt, ist aber nur eine Möglichkeit, das Mikrobiom zu erforschen. Eine andere ist die Analyse ganzer Genome, die uns mehr über die Funktionsweise der Bakterien verraten, beziehungsweise ganzer ► Metagenome, also der Summe aller Genome in einem Mikrobiom. Rasante me-

thodische Fortschritte ermöglichen uns heute die schnelle und effiziente Analyse großer genomischer Datenmengen. So können wir einen Schritt weitergehen: von der Artenvielfalt hin zu Funktionsvorhersagen.

Mittels Metagenomik analysierten wir an der Kabeltonne über mehrere Jahre viele Millionen Bakteriengene [2]. Dabei zeigt sich das gleiche wiederkehrende Muster, wie wir es schon von der 16S-rRNA kennen. Stets fanden wir eine ähnliche zeitliche Abfolge von Genen, die den Abbau bestimmter Algenzucker regeln. Offensichtlich bauen die Bakterien also Jahr für Jahr in der gleichen Reihenfolge vergleichbare Zucker ab – weitgehend unabhängig davon, welche Algen in den einzelnen Jahren die Blüte dominieren. Das bedeutet, dass unterschiedliche Algen ähnliche oder sogar die gleichen Polysaccharide enthalten. Ein einfaches Auf- und Abzählen der vorhandenen Algen- oder Bakteriengruppen gibt also wenig Aufschluss über die Funktionsweise des Lebensraums. Vielmehr sind es die bakteriellen Funktionen und die Zuckerverwertungsmechanismen der Bakterien, denen es auf die Spur zu kommen gilt. Zudem zeigt die vorliegende Langzeitstudie deutlich, wie wichtig Observatorien und Zeitreihen sind, um aussagekräftige Daten gewinnen und diese richtig interpretieren zu können. Ein so komplexes Ökosystem wie das Meer lässt sich kaum anhand einzelner, isolierter Datenpunkte verstehen.

Richten wir also den Blick auf das Innere der Bakterien. Zum Abbau der Polysaccharide nutzen die Bakterien verschiedene Enzyme. Die Enzyme sind hochspezifisch; wie bei einem Schlüssel-Schloss-Prinzip passen Zucker und Enzym genau zusammen. Da einzelne Bakterien nicht die gesamte Bandbreite an Enzymen besitzen, spezialisieren sich verschiedene Arten mithilfe ihrer Enzyme auf unterschiedliche Zucker als Nahrung. Die vorhandenen Enzyme in einem Lebensraum geben Aufschluss über die mög-

PING-PONG DER METHODEN

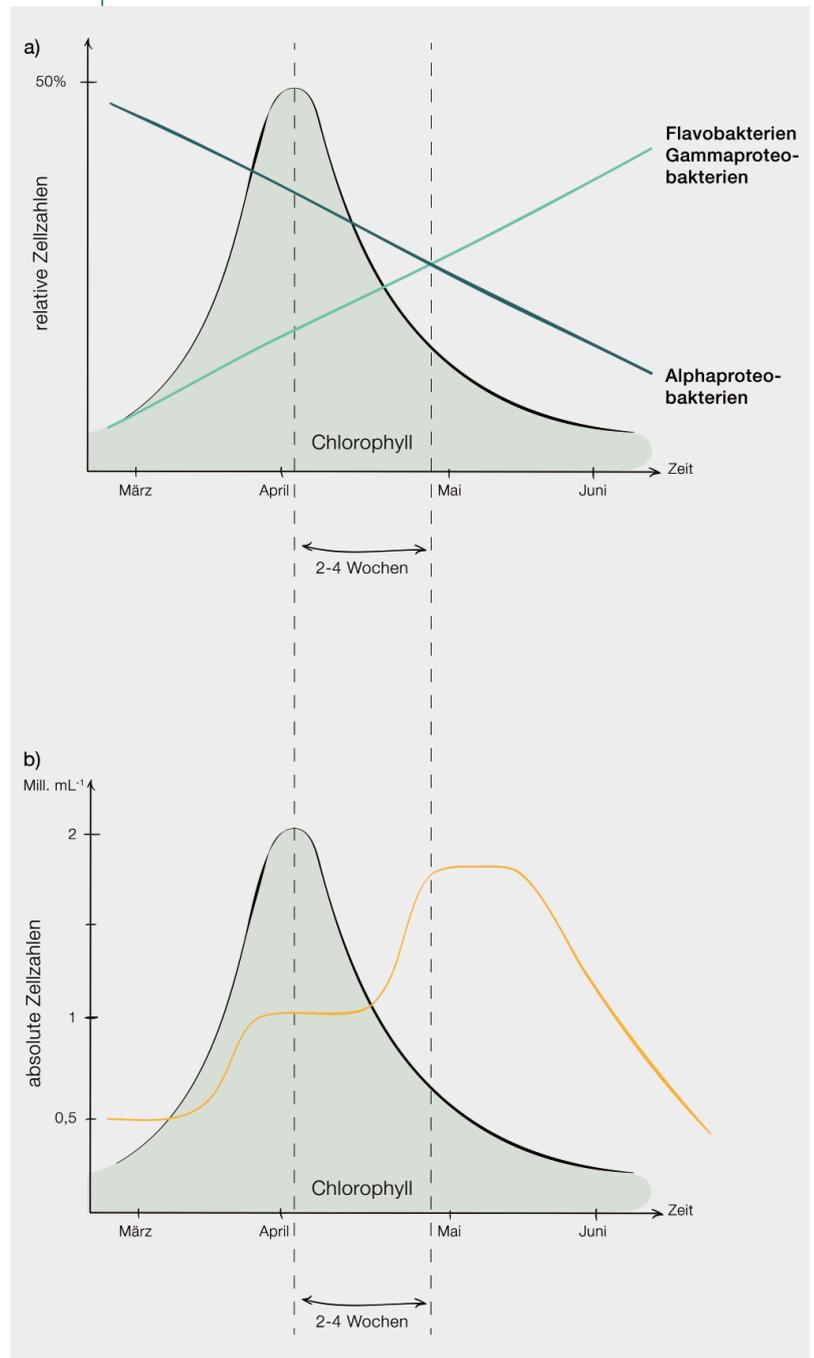
Binning kommt aus der EDV und bezeichnet eine systematische Sortiermethode, die eine effektive Reduktion der Datenmenge durch Einteilung in Schachteln (Bins) ermöglicht. Aus den Bins können wir einen phylogenetischen Baum erstellen. Dieser Baum unterscheidet sich von jenem, den wir aus der klassischen Mikrobiologie kennen. Das bringt ein methodisches Dilemma der Mikrobiologie zutage: Die verschiedenen Methoden – klassische Isolierung, 16S-rRNA oder Metagenomik – haben alle ihre Stärken und Schwächen, jede hat ihre Berechtigung. Im Wechselspiel der verschiedenen Methoden, im „Ping-Pong“ von Kulturen und Metagenomik, kommen wir den Geheimnissen der Natur auf die Schliche. So leben Bakterien in der Umwelt in einer eng vernetzten Gemeinschaft. Wer auf diese Gemeinschaft angewiesen ist, wird in der Laborkultur nicht wachsen. Das Binning liefert uns wiederum keine vollständigen Genome. Die Bins zeigen uns aber, dass wir mit der Isolierung noch nicht alle Bakteriengruppen korrekt abbilden und abdecken. Es lohnt sich also, weiter zu isolieren.

licherweise vorhandenen Zucker. So war es für uns der logische nächste Schritt, den bakteriellen Enzymen auf den Zahn zu fühlen. Welche Enzyme finden wir? Welche Algenzucker greifen sie an? Wie machen sie das? Aus den vorhandenen Bakterienenzymen lässt sich ableiten, welche die wichtigsten Algenpolysaccharide sind – ein bedeutender Puzzlestein in unserem Verständnis des Kohlenstoffkreislaufs des Meeres. Die funktionelle Einheit, mit der wir uns dabei bevorzugt beschäftigen, ist das sogenannte PUL, kurz für ► Polysaccharide Utilisation Locus oder, eingedeutscht, „Polysaccharid-Verwertungsabschnitt“. Ein PUL ist ein Genomabschnitt eines Bakteriums, der den Abbau von Polysacchariden regelt. Der PUL enthält die Informationen, um die nötigen Proteine für den Abbau und die Aufnahme der Zucker herzustellen – er liefert quasi die nötige Infrastruktur, um diese Nahrung zu nutzen. Wenn wir analysieren, welche PULs die Bakterien in der Nordsee zu einem bestimmten Zeitpunkt besitzen, können wir daraus also ableiten, was den Bakterien jeweils als Nahrung zur Verfügung steht. Bei unseren algenabbauenden Bakterien finden wir besonders häufig PULs, die den Algenzucker Laminarin abbauen, den bereits erwähnten Hauptspeicherstoff der Mikroalgen [4]. Später in der zeitlichen Abfolge finden wir vermehrt einen PUL, der vermutlich den Abbau von Zuckern regelt, die in der Zellwand der Diatomeen enthalten sind.

Systematik in Schachteln

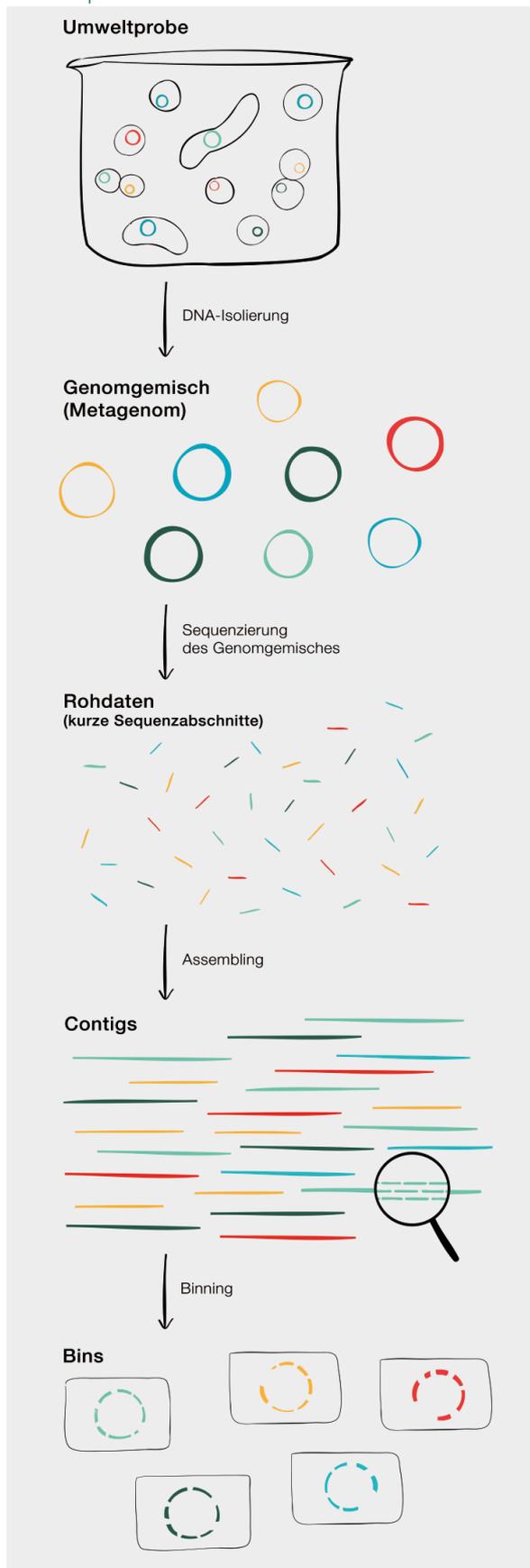
Für die effiziente Sequenzierung des Bakterienmikrobioms müssen wir die Genome in unzählige Bruchstücke zerlegen. Diese können wir in feiner Puzzlearbeit so ordnen und zusammensetzen, dass daraus wiederum mehr oder weniger vollständige Genome einzelner Bakterienarten entstehen. Dieses Verfahren ist das sogenannte „Binning“ (siehe Kasten „Ping-Pong der Methoden“). Ein „Bin“ ist sozusagen eine Schachtel, in die wir Teile des großen Metagenom-Puzzles sortieren, die mit hoher Wahrscheinlichkeit von einer Bakterienart stammen. In unseren Proben fanden wir hunderte Schachteln, in denen Flavobakterien stecken. Sie enthalten zahlreiche Gene, um komplexe Zucker zu zerlegen (Abbildung 5). Vor Helgoland konnten wir über drei Jahre während und nach der Frühjahrsblüte insgesamt 38 Metagenome erstellen [5]. Die resultierenden Bins gruppierten wir nach ähnlichen Gensequenzen. So entstehen Cluster (Gruppen) aus überlappenden Bins, die sich klar von anderen Clustern unterscheiden. Ein solcher Cluster besteht vermutlich aus Stämmen einer Art, die untereinander Gene austauschen. Innerhalb der Cluster können wir Genregionen bestimmen, die einem PUL entsprechen. Beispielsweise enthält ein Cluster einen PUL mit mehreren ► Sulfatasen, was auf den Abbau komplexer Zellwandzucker hinweist. Und tatsächlich findet sich dieser Cluster in allen drei Untersuchungsjahren spät im Frühjahr, wenn die Algenblüte zusammenbricht und die Reste der Zellwände abgebaut werden. Mithilfe der Metagenomik gelingt es uns so, Muster sichtbar zu ma-

ABB. 4 | VERLAUF EINER ALGENBLÜTE



Schematische Darstellung der relativen und absoluten Zellzahlen von Bakterien während einer Frühjahrsblüte in der südlichen Nordsee. a) Relative Zellzahlen: Im Winter dominieren Alphaproteobakterien die Bakteriengemeinschaft, mit der einsetzenden Frühjahrsblüte gewinnen zusehends Flavo- und Gammaproteobakterien die Oberhand. Der Dominanzwechsel erfolgt etwa 2–4 Wochen nach dem Chlorophyllmaximum der Algenblüte. b) Absolute Zellzahlen: Kurz nach Einsetzen der Frühjahrsblüte steigen die bakteriellen Zellzahlen, da sich Bakterien von Algenexsudaten ernähren können, und pendeln sich bei etwa 1 Million Zellen cm⁻³ ein. Wenn die Algen absterben und deren Zellinhalt leichter verfügbar wird, steigen die Bakterienzahlen erneut stark an auf etwa 2 Millionen Zellen cm⁻³. Zwischen dem Peak der Algenblüte und dem Erreichen der maximalen Bakterienzahl liegen wiederum jene 2–4 Wochen, die wir auch beim Umschlagen der Bakteriengemeinschaft beobachten. Foto: Alina Esken (Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie).

ABB. 5 | METHODEN DER METAGENOMIK



chen und die große Komplexität der Meeresmikroben sinnvoll zu gliedern – Voraussetzung für die Beschreibung des Mikrobioms des Meeres.

Weniger ist mehr

Die Cluster, die wir mithilfe des Binnings bestimmen konnten, sind erstaunlich einförmig. Bei den *Bacteroidetes*, zu denen auch die Flavobakterien gehören, sind es nur 13 relevante Gruppen, die in diesem Ökosystem zahlreich und wiederkehrend auftreten. Innerhalb dieser findet sich wiederum ein überschaubarer Satz an PULs, die vorrangig auf fünf verschiedene Polysaccharide zugreifen, von denen zwei eine besonders tragende Rolle spielen. Das sind einerseits α -Glucane, die wichtige Speicherstoffe in Bakterien und tierischen Zellen sind, und andererseits β -Glucane, zu denen auch das Laminarin der Kieselalgen zählt [5]. Angesichts dessen, wie vielfältig Algen und Bakterien sind und wie komplex Polysaccharide sein können, waren wir überrascht, ein so begrenztes Spektrum an PULs zu finden, und das in vergleichsweise wenigen Bakteriengruppen. Die geringe Vielfalt der Bakteriengemeinschaft im Umfeld der Frühjahrsblüten zeigt uns, dass diese Gemeinschaft hochspezialisiert ist. Nur zwei verschiedene „Nahrungsmittel“ dominieren den Speiseplan. Innerhalb der bevorzugten Nahrungsmittel fanden wir die klare zeitliche Abfolge: Im Vorfeld und am Beginn der Blüte dominierten PULs, die auf einfache Zuckerbausteine abzielen. Im späteren Verlauf der Blüte werden auch komplexere Algenzucker genutzt. Das hat vermutlich zwei Gründe: Erstens bevorzugen die Bakterien generell leicht abbaubare Substrate, zweitens gibt es im Verlauf einer Blüte, wenn immer mehr Algen absterben, mehr komplexe Zucker. Dieser einfache Aufbau mit einhergehend vergleichsweise kleinen Genomen erlaubt es den *Bacteroidetes*, mit hohen Wachstumsraten schnell auf das Auftreten von Algenblüten zu reagieren [5].

Zusammengefasst: Die Bakterien entfalten im Verlauf der Algenblüte eine funktionelle Kaskade. Vom Abbau einfacher Algenspeicherstoffe geht es weiter zu den Algen-

Aus gehäckselten und durcheinandergewürfelten DNA-Stücken werden Genome: Aus der Umweltprobe erhalten wir ein Gemisch aus Genomen, das Metagenom. Die Sequenzierung liefert uns daraus zahlreiche ungeordnete, kurze Sequenzabschnitte. Zunächst werden die Rohdaten geordnet und zu Contigs assembliert. Contigs sind Sätze überlappender DNA-Stücke, die aus derselben genetischen Quelle – in unserem Fall der gleichen Bakterienart – stammen. Diese sind einige Kilobasen lang und damit lang genug, um sie sinnvoll sortieren zu können. Beim Binning werden die Contigs in Abhängigkeit ihrer Basensequenz und Häufigkeit in „Schachteln“, die sogenannten Bins, gruppiert, die in etwa einzelnen Bakterienarten entsprechen. Bei guter Vollständigkeit bezeichnet man diese Bins als aus „Metagenomen assemblierte Genome“, sogenannte MAGs. Foto: Alina Esken (Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie).

zellwänden und schließlich zu den Zellwänden von Bakterien, wenn die massenhaft wachsenden Bakterien selbst absterben und von anderen Bakterien gefressen werden. Die Substratzusammensetzung im Laufe der Frühjahrsblüte ist ein treibender Faktor für die Zusammensetzung und Entwicklung der Bakteriengemeinschaft. Im Umkehrschluss erlaubt uns das, durch die Untersuchung der Bakterien zu erfahren, welche Algenzucker vorhanden sind. So erlangen wir Einblick in aufschlussreiche Details über den molekularen Aufbau des marinen Kohlenstoffkreislaufs.

Achtung: Egoistische Bakterien!

Schachteln und Bäume, Bins und PULs – die bisherigen Betrachtungen und Ergebnisse scheinen sehr abstrakt. Wir können die Zuckeraufnahme der Bakterien auch direkter beobachten. Dazu braucht es spezielle Mikroskope und farbstoffmarkierte Polysaccharide. Mischen wir grün markiertes Laminarin in eine Meerwasserprobe, wird es umgehend von darin lebenden Bakterien aufgenommen. Schon nach wenigen Minuten finden wir Algenzucker in Bakterienzellen. Dann können wir nachsehen, welche Bakterien das Laminarin so schnell aufnehmen: Es sind oft die altbekannten Flavobakterien. Anschließend nutzen wir hochauflösende Mikroskope, mit denen wir eine Bakterienzelle nicht nur als einen Punkt darstellen, sondern

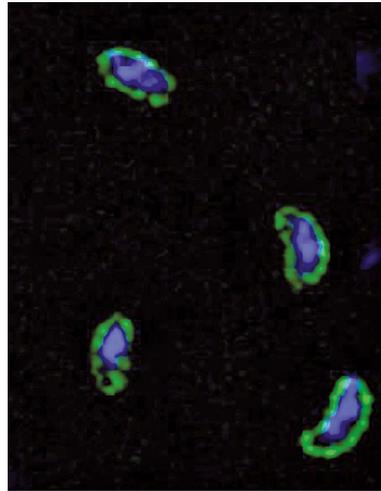


ABB. 6 Den Bakterien beim Fressen zusehen. Mit dem DNA-Farbstoff DAPI (blau) gefärbte Bakterienzellen nach der Aufnahme von grün markiertem Laminarin ins Periplasma.

Foto: Greta Reintjes (Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie).

einzelne Zellteile unterscheiden können. So können wir dem Weg des Laminarins im Bakterium folgen. Die grüne Farbe findet sich nur im Bereich zwischen der äußeren und inneren Zellmembran, dem Periplasma. Das Zellinnere mit dem blau gefärbten Nukleoid ist klar getrennt von einem leuchtend grünen Rand (Abbildung 6). Dort wird das Laminarin vor der weiteren Verwertung eingelagert [6, 7].

Die „Zwischenlagerung“ des grob zerkleinerten Laminarins hat einen guten Grund: Die Bakterien sichern sich so ihre Pfründe, sie handeln egoistisch. Indem sie die Polysaccharide an der Zelloberfläche nur grob zerkleinern und die entstehenden Oligosaccharide zwischen die beiden Zellmembranen verfrachten, schaffen sie sich ihre private Speisekammer. Andere Organismen im Umgebungswasser können ihnen die Nahrung nicht

streitig machen. In der sicheren Speisekammer werden die Oligosaccharide in einzelne Zuckerbausteine zerlegt. Diese Monomere können schließlich ins Zellinnere aufgenommen werden (Abbildung 7). Mit unserer hochauflösenden Mikroskopie konnten wir zum ersten Mal die egoistische Substrataufnahme im Ozean zeigen. Tatsächlich handelt es sich jedoch um einen weit verbreiteten aktiven Mechanismus, der an sehr unterschiedlichen Orten vorkommt – im Atlantischen Ozean etwa genauso wie im menschlichen Darm.

DIE WELT AUF EINEM SANDKORN

Nicht nur im Wasser, auch im Sand spielen Bakterien eine Schlüsselrolle. Forschende des Bremer Max-Planck-Instituts haben herausgefunden, dass auf einem einzelnen Sandkorn bis zu 100.000 Mikroorganismen aus Tausenden von Arten leben. Die Bakterien besiedeln die Sandkörner nicht gleichmäßig, sondern tummeln sich gut geschützt in Rissen und Kuhlen (Abbildung). Die sandliebenden Bakterien spielen eine bedeutende Rolle für das Meer. Da die Mikroorganismen beispielsweise Kohlenstoff und Stickstoff aus dem Meerwasser und aus einströmenden Flüssen verarbeiten, wirkt Sand wie ein riesiger, reinigender Filter [8].

Blick auf ein Sandkorn unter dem Fluoreszenzmikroskop. Die grünen Pünktchen sind eingefärbte Bakterien, die sich vor allem in Vertiefungen auf dem Sandkorn angesiedelt haben. Foto: David Probandt (Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie), CC-SA BY 4.0.

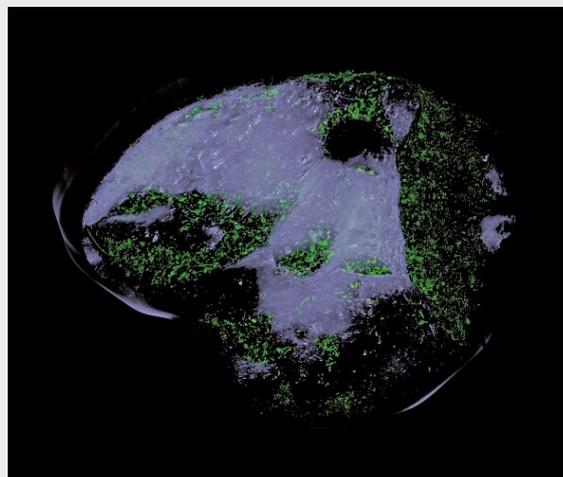
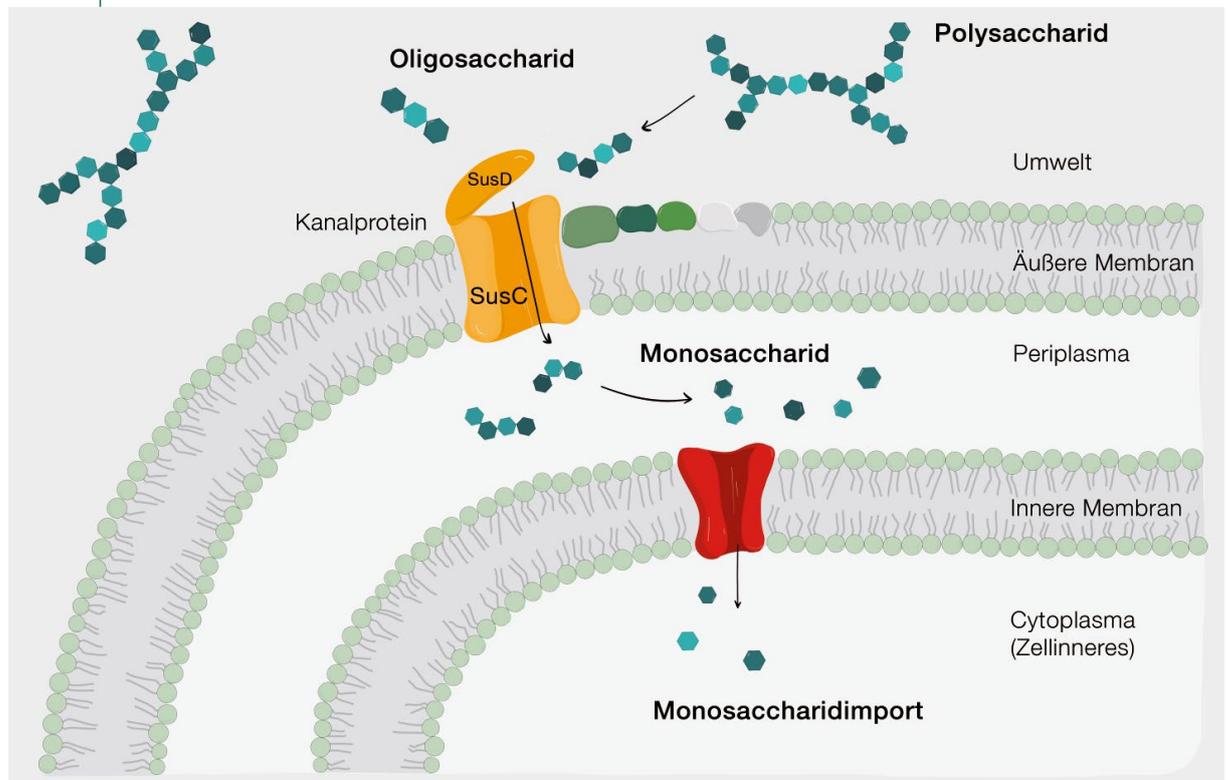


ABB. 7 | DER WEG EINES POLYSACCHARIDS INS ZELLINNERE EINES BAKTERIUMS



Die Polysaccharide werden an der Oberfläche der Bakterienzelle festgehalten und von Glycosidhydrolasen (Enzyme, die komplexe Zucker zerlegen) in Oligosaccharide zerkleinert. Diese werden durch eine große Pore mit einer Art Deckel in der äußeren Membran aktiv ins Periplasma, den Bereich zwischen äußerer und innerer Zellmembran, geschleust. Dort werden sie durch weitere Glycosidhydrolasen in Monosaccharide zerlegt und dann ins Zellinnere, das Cytoplasma, geschleust. Alle erforderlichen genetischen Informationen für die an diesem Prozess beteiligten Proteine sind in einem PUL kodiert. Foto: Alina Esken (Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie).

Das große Ganze: Der Kohlenstoffkreislauf

Wenn man aufs Meer schaut, sei es von der Küste, von Bord eines Schiffes aus oder auf einem Satellitenbild der Erde, gewinnt man den Eindruck, es handle sich dabei um einen riesigen, quasi uferlosen Lebensraum ohne innere Gliederung. Bei näherer Betrachtung aber findet sich im Ozean jede Menge Struktur. Sie reicht von der Schichtung des Meeres, etwa durch Licht und Temperatur, bis in die molekularen Details. Je genauer man das Ökosystem betrachtet, desto klarer wird: Das Meer ist hochkomplex und feinst strukturiert, in seiner Komplexität steckt es voller Regeln und Abhängigkeiten. Diese können wir verstehen und müssen wir zu verstehen suchen, um nicht nur mit Tauchbooten und Kameras, sondern auch mit unserem wissenschaftlichen Verständnis dem Meer auf den Grund zu gehen. Die hier präsentierten Untersuchungen zeigen uns zudem, wie sehr unser Wissen über die Welt des Unsichtbaren von der Methode abhängt, mit der wir sie betrachten (können). Saisonale Studien leisten einen großen Beitrag, um die komplexe Welt der heterotrophen Meeresbakterien besser zu verstehen. Das so erlangte Wissen ist Voraussetzung sowohl für kurz- als auch für langfristige Aussagen und Vorhersagen über dieses Ökosystem. So

können wir nach einem guten Jahrzehnt der Forschung am Helgoländer Langzeitobservatorium vorhersagen, welche Bakterien zu welcher Zeit in der südlichen Nordsee vorkommen und welche Funktion sie im Kohlenstoffkreislauf übernehmen.

Im kommenden Jahrzehnt wollen wir testen, ob sich diese Erkenntnisse auf den offenen Ozean und dort vor allem auf die höheren Breitengrade übertragen lassen, wo der globale Beitrag der Bakterien zum Kohlendioxidgehalt der Atmosphäre größer ist. Neben den unverzichtbaren Zeitreihen und Observatorien sollten dabei auch ► Bioarchive angelegt werden – insbesondere anthropogen so stark beeinflusster Meeresregionen wie der Nord- und Ostsee. Angesichts der starken Abhängigkeit unserer Ergebnisse von der Methode und der rasanten Entwicklungen in diesem Bereich würde es uns dadurch möglich, bei der zukünftigen Untersuchung der kleinsten Bewohner des Meeres inklusive des marinen Viroms auch rückblickend Analysen für eine umfassende Umweltüberwachung auszuführen. Vielleicht finden wir sogar eine Möglichkeit, wie Kohlendioxid aus der Atmosphäre in Algenbiomasse festgelegt werden kann, ohne dass Bakterien die Algen gleich wieder abbauen und somit das Kohlendioxid wie-

der freisetzen. Und zugegeben, selbst wenn uns ein solcher Coup in näherer Zukunft nicht gelingen sollte – jedes neue Detail, dass wir über diesen faszinierenden und alles beeinflussenden Lebensraum lernen, ist auch einfach ein weiteres Teil in einem der schönsten Puzzle, das man sich als Meeresforscher vorstellen kann.

Zusammenfassung

Die massive Vermehrung winziger Algen im Meer, des Phytoplanktons, führt dazu, dass sich etwa in der Nordsee jedes Frühjahr eine sogenannte Algenblüte bildet. Die Algen bilden nicht nur die Grundlage der Nahrungskette, sie dienen auch Bakterien als Nahrung. Diese zersetzen die Algen und deren Überreste. Für die Bakterien ist dabei nicht entscheidend, welche Algenarten vorhanden sind, sondern welche Mehrfachzucker diese enthalten. Anhand der bakteriellen Genome können wir sehen, welche Bakterien vorkommen, welche Zucker sie vermutlich abbauen und welche Funktion sie im Kohlenstoffkreislauf voraussichtlich haben. Langzeituntersuchungen, Observatorien und Bioarchive sind unverzichtbar für diese Forschung, die angesichts des Klimawandels besonders relevant ist.

Summary

Sweet feast with multiple courses: How bacteria devour algae

The massive growth of tiny algae in the ocean, the phytoplankton, causes a so-called algae bloom to form every spring in the North Sea. The algae not only form the basis of the food chain, they also serve as food for bacteria, which decompose the algae and their remains. For the bacteria, it is not decisive which types of algae are present, but which polysaccharides they contain. Based on the bacterial genomes, we can see which bacteria are present, which sugars they might break down and what function they presumably have in the carbon cycle. Long-term studies, observatories and bioarchives are essential for this research, which is particularly relevant in view of climate change.

Schlagworte:

Algenblüte, Nordsee, Bakterien, Polysaccharide, Mikrobiologie, Kohlenstoffkreislauf.

Literatur

- [1] K. H. Wiltshire et al., Helgoland roads: 45 years of change, *Estuaries and Coasts*, 2010, 33, 295–310.
- [2] H. Teeling et al., Substrate-controlled succession of marine bacterioplankton populations induced by a phytoplankton bloom. *Science*, 2012, 336, 608–611.
- [3] H. Teeling, Recurring patterns in bacterioplankton dynamics during coastal spring algae blooms. *eLife*, 2016, 5, e11888.
- [4] L. Kappelmann et al., Polysaccharide utilization loci of North Sea Flavobacteria as basis for using SusC/D-protein expression for predicting major phytoplankton glycans. *ISME J.*, 2019, 13, 76–91.
- [5] K. Krüger et al., In marine *Bacteroidetes* the bulk of glycan degradation during algae blooms is mediated by few clades using a restricted set of genes. *ISME J.*, 2019, 13, 2800–2816.

GLOSSAR

Autotroph: Organismen, die ihre Zellbestandteile ausschließlich aus anorganischen Molekülen wie CO₂ und H₂O aufbauen. Dazu gehören etwa Photosynthese betreibende Organismen.

Bioarchiv: Sammlung biologischer Proben und der entsprechenden Metadaten (Ort, Zeit, Physik, Chemie etc.).

Enzym: Eiweiß (Protein), das eine biochemische Reaktion katalysiert.

Laminarin: Polysaccharid, das etwa in Braun- und Kieselalgen vorkommt. Als vor allem aus β-1,3-verknüpfter Glukose bestehender Zucker dient es vielen Algen als Energiespeicher, vergleichbar mit Stärke (α-1,4-Homoglucan) bei den Landpflanzen.

Marines Mikrobiom: Das Mikrobiom umfasst die Gesamtheit aller Mikroorganismen in einem Lebensraum – das marine Mikrobiom also all jene, die in einem Meeresgebiet leben.

Metagenom: Als Metagenom bezeichnen wir hier die Gesamtheit der genomischen Information innerhalb einer Biozönose, z. B. der in einem Liter Meerwasser vorkommenden Organismen.

Polysaccharid: Vielfachzucker, also großes Kohlenhydrat, das aus vielen (> 10) Einfachzuckern (Monosacchariden) zusammengesetzt ist.

Polysaccharide Utilisation Locus (PUL): Genomabschnitt eines Bakteriums, der Proteine für den Abbau und Transport von Polysacchariden kodiert.

Sulfatase: Enzym aus der Gruppe der Esterasen, die durch Hydrolyse Sulfatester in Alkohol und Sulfat spalten.

- [6] F. Cuskin et al., Human gut *Bacteroidetes* can utilize yeast mannan through a selfish mechanism. *Nature*, 2015, 517, 165–169.
- [7] G. Reintjes et al., An alternative polysaccharide uptake mechanism of marine bacteria. *ISME J.*, 2017, 11, 1640–1650.
- [8] D. Probandt et al., Microbial life on a sand grain: from bulk sediment to single grains. *The ISME J.*, 2017, 12, 623–633.

Die Autoren



Der Mikrobiologe Rudolf Amann erforscht die Vielfalt und Ökologie von Mikroorganismen in marinen Lebensräumen. Nach dem Studium der Biologie und Chemie und anschließender Promotion und Habilitation an der Technischen Universität München verbrachte er einen Postdoc-Aufenthalt an der University of Illinois, Urbana-Champaign, USA. Seit 1997 ist er am Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie tätig und mittlerweile einer der dortigen Direktoren und Professor im Fachbereich Biologie der Universität Bremen.



Fanni Aspetsberger ist Meeresbiologin und Wissenschaftsjournalistin. Nach dem Studium in Wien, Hamburg und Spitzbergen wurde sie an der Universität Bremen promoviert. Nach einer journalistischen Ausbildung war sie u. a. als freischaffende Wissenschaftsjournalistin tätig. Seit 2015 ist sie Pressesprecherin des Max-Planck-Instituts für Marine Mikrobiologie.

Korrespondenz:

Prof. Dr. Rudolf Amann
Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie
Celsiusstraße 1
28359 Bremen
ramann@mpi-bremen.de