

auf hin, dass die FRI-GFP-Kondensate nicht mit der Aktivierung des *FLC*-Gens, sondern mit dem Abschalten der *FLC*-Transkription zusammenhängen. In anderen Worten: FRI wird durch die Phasentrennung bei tiefen Temperaturen von *FLC* ferngehalten. Es konnte gezeigt werden, dass die *COOLAIR*-RNA, die auf dem Gegenstrang des *FLC*-Gens liegt und eine wichtige Rolle bei der *FLC*-Regulation spielt, ebenfalls in den Kondensaten zu finden ist.

Das Abschalten der *FLC*-Transkription beginnt im Herbst, wenn es zu größeren Temperaturschwankungen kommen kann. Es ist bekannt, dass höhere Temperaturen im Herbst das Abschalten von *FLC* verzögern [7, 8]. Nun wurde beobachtet, dass die FRI-GFP-Kondensate, die sich in der Kälte ausbilden, ein paar Stunden nachdem *Arabidopsis*-Pflanzen wärmeren Temperaturen ausgesetzt worden waren, verschwanden. Brachte man die Pflanzen nach dieser kurzzeitigen Wärmeexposition zurück in die Kälte, bildeten sich

die Kondensate wieder aus [9]. Die temperaturabhängige Phasentrennung von FRI, assoziierten Proteinen und *COOLAIR* scheint also dazu beizutragen, die Aktivierung von *FLC* und FRI bei natürlichen Temperaturschwankungen zu kontrollieren (Abbildung 1): In der Kälte wird FRI durch die Ausbildung von Kondensaten mit Hilfe der *COOLAIR*-RNA von *FLC* entfernt und somit die transkriptionelle Aktivierung reduziert. Bei wärmeren Temperaturen wird FRI hingegen aus den Kondensaten freigesetzt, so dass es mit dem *FLC*-Promotor interagieren und die Transkription steigern kann. Damit wird verhindert, dass eine kurze Wärmeperiode als Frühlingstemperatur missinterpretiert wird und die Blüte beim Einbruch des Winters ausgelöst wird.

Diese Ergebnisse sind besonders relevant, da im Zuge des Klimawandels das Auftreten von extremeren Temperaturschwankungen zu erwarten ist. Die Aufklärung molekularer Mechanismen, wie Pflanzen sich

davor schützen, dass solche Unregelmäßigkeiten die saisonale Blühregulation durcheinanderbringen, sind deshalb von großem Interesse.

Literatur

- [1] F. Andres, G. Coupland (2012). *Nature Reviews Genetics* 13, 627–639.
- [2] D.-H. Kim et al. (2009). *Annual Review of Cell and Developmental Biology* 25, 277–299.
- [3] M. Johansson, D. Staiger (2015). *Journal of Experimental Botany* 66, 719–730.
- [4] T. Csorba et al. (2014). *Proc Natl Acad Sci U S A* 111, 16160–16165.
- [5] H. Yang et al. (2014). *Current Biology* 24, 1793–1797.
- [6] S. Swiezewski et al. (2009). *Nature* 462, 799–802.
- [7] J. Hepworth et al. (2018). *Nature Communications* 9, 639.
- [8] R. L. Antoniou-Kourouniotti et al. (2018). *Cell Systems* 7, 643–655.e9.
- [9] P. Zhu et al. (2021). *Nature* 599, 657–661.
- [10] S. Boeynaems et al. (2018). *Trends in Cell Biology* 28, 420–435.

Dorothee Staiger,
Lehrstuhl für RNA Biologie und
Molekulare Physiologie, Fakultät
für Biologie, Universität Bielefeld,
Dorothee.staiger@uni-bielefeld.de

TAXONOMIE

Habe ich eine neue Spezies entdeckt?

Der Traum von der Entdeckung einer neuen Art ist oft der erste Funke vom flammenden Wunsche Biologe zu werden. Im Studium lernt man, sich mit wissenschaftlichen Methoden neue Räume, Habitate und auch Spezies zu erschließen. Besonders in der Mikrobiologie hat man nicht selten eine neue Spezies in den Händen und steht damit vor Fragen, die im Studium selten oder nie adressiert werden. Was macht man mit einer neuen Art und wie meldet man diese offiziell an, um seine Entdeckung angemessen mit der wissenschaftlichen Gemeinschaft zu teilen? Wir wollen einen möglichen Weg von der Kolonie auf der Agarplatte bis zur offiziellen Anerkennung einer neuen Spezies aufzeigen.

Ob man wirklich eine neue Spezies entdeckt hat oder nicht, lässt sich am schnellsten mit Hilfe der 16S rRNA-Sequenzierung abschätzen. Das 16S rRNA-Gen kodiert für eine ribosomale RNA, welche zusammen mit ribosomalen Proteinen das Ribosom bildet und so die Proteinsynthese ermöglicht. Durch diese essenzielle Funktion ist das 16S rRNA-Gen uni-

versell in allen Prokaryoten konserviert und ein idealer phylogenetischer Marker. Um die 16S rRNA-Sequenz eines neuen Isolats bestimmen zu können, sollte man dieses mittels PCR amplifizieren. Die Primer 27F (5'AGAGTTTGATCMTGGCTCAG) und 1492R (5'TACGGYTACCTTGT-TACGACTT) sind hierfür oft eine gute Wahl, wobei es auch Alternati-

ven gibt [1]. Die 16S rRNA-Gen-Amplifikation sollte mittels Sanger-Technologie sequenziert werden und die gewonnene Sequenz gegen eine 16S rRNA-Gen-Datenbank abgeglichen werden. Dafür eignet sich der BLAST Web-Service von NCBI sehr gut. Als Datenbank sollte man bei BLASTn die „rRNA/ITS databases“ auswählen [2]. Eine mögliche Alternative ist die EzBioCloud-16S-Datenbank [3]. Zeigt das Ergebnis eine Sequenzidentität von 98,7 Prozent oder weniger zu einer bekannten Sequenz an, so ist die Wahrscheinlichkeit hoch, dass es sich um eine neue Spezies handelt [4]. Auf Grundlage der 16S rRNA-Gen-Sequenz kann bereits ein phylogenetischer Baum erstellt werden. Hierfür benötigt man eine „Outgroup“, welche als Vergleichspunkt für die „Ingroup“ verwendet wird und so die Verwurzelung der Phylogenie ermöglicht. Aber selbst wenn die Se-

TABELLE 1: SOFTWARE ZUR BERECHNUNG VON ANI-WERTEN (MODIFIZIERT NACH [4])

Name des Tools	Funktion	Typ	URL und Referenz
ANI calculator	Berechnung von ANI	Web-basiert	http://enve-omics.ce.gatech.edu/ani/
Genome-to-Genome Distance Calculator	Berechnung von dDDH	Web-basiert	https://ggdc.dsmz.de/ [7]
GTDB-Tk	Berechnung von ANI	Eigenständige Software	https://gtdb.ecogenomic.org/ [8]
JSpecies WS	Berechnung von ANI	Web-basiert	http://jspecies.ribohost.com/jspeciesws [9]
JSpecies	Berechnung von ANI	Eigenständige Software	https://imedea.uib-csic.es/jspecies/ [10]
OrthoANLu	Berechnung von ANI	Web-basiert	https://www.ezbiocloud.net/tools/ani [11]
OrthoANlu	Berechnung von ANI	Eigenständige Software	https://www.ezbiocloud.net/tools/orthoaniu [11]

quenzidentität bei über 98,7 oder sogar 100 Prozent liegt, kann immer noch eine neue Spezies vorliegen [4]. Besteht dafür ein begründeter Verdacht, bringt der nächste Schritt Klarheit.

Genomsequenz-basierte Klassifizierung

Die Einzigartigkeit eines Organismus wird erst in vollem Umfang klar, wenn die Gesamtheit seiner Erbinformation bekannt ist. Einige Journals wie *Systematic and Applied Microbiology* (ISSN: 0723-2020) und *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* (IJSEM; ISSN: 1466-5026) setzen eine vollständige Genomsequenz sogar voraus, um einen neuen Typstamm beschreiben zu können. Für die Spezies-Bestimmung mittels Genomsequenzierung macht man sich den „Overall Genome Related Index“ (OGR) zunutze. Hierfür werden meist „Average Nucleotide Identity“ (ANI) oder „digital DDH“ (dDDH, DNA-DNA-Hybridisierung) genutzt, die entweder mittels Web-basierter Plattformen oder mit eigenständiger Software ermittelt werden können. Eine Übersicht geeigneter Programme findet man in Tabelle 1. Ist der ANI-Wert unter 95~96 Prozent oder unter 70 Prozent dDDH, handelt es sich um eine neue Spezies [4]. Für eine phylogenetische Analyse kann man mittels des PyANI-Skripts eine Heatmap erstellen und so die Daten auch ansprechend und aussagekräftig visualisieren [5]. In Abbildung 1 ist eine ANI-Analyse beispielhaft visualisiert. Sie lässt klar und intuitiv erkennen, dass die beiden Spezies *Brevundimonas pondensis* und *Brevundimonas goettingensis* sich

von den bereits bekannten Typstämmen der Gattung *Brevundimonas* unterscheiden.

Weitere Charakterisierung der neuen Spezies

Um eine neue Spezies beschreiben zu können, müssen neben der Sequenzierung (16S rRNA-Gen-Sequenzierung oder Genomsequenzierung) auch einige weitere Untersuchungen an den Bakterien durchgeführt werden, um Unterschiede oder Ähnlichkeiten mit nah verwandten Spe-

zies zu überprüfen. Ob man den Schwerpunkt auf Chemotaxonomie (bspw. Lipidprofile), Morphologie, biochemische Tests sowie phänotypische Reaktionen auf Kohlenstoffquellen (für beide letztere gibt es eine große API-Kits-Auswahl von bioMérieux, Nürtingen, Deutschland) legt, ist jedem selbst überlassen. Es kann aber sehr interessant sein, sich auf die spezifischen Charakteristika nah verwandter Spezies zu konzentrieren. Eine mikroskopische Aufnahme (Abbildung 2), auch

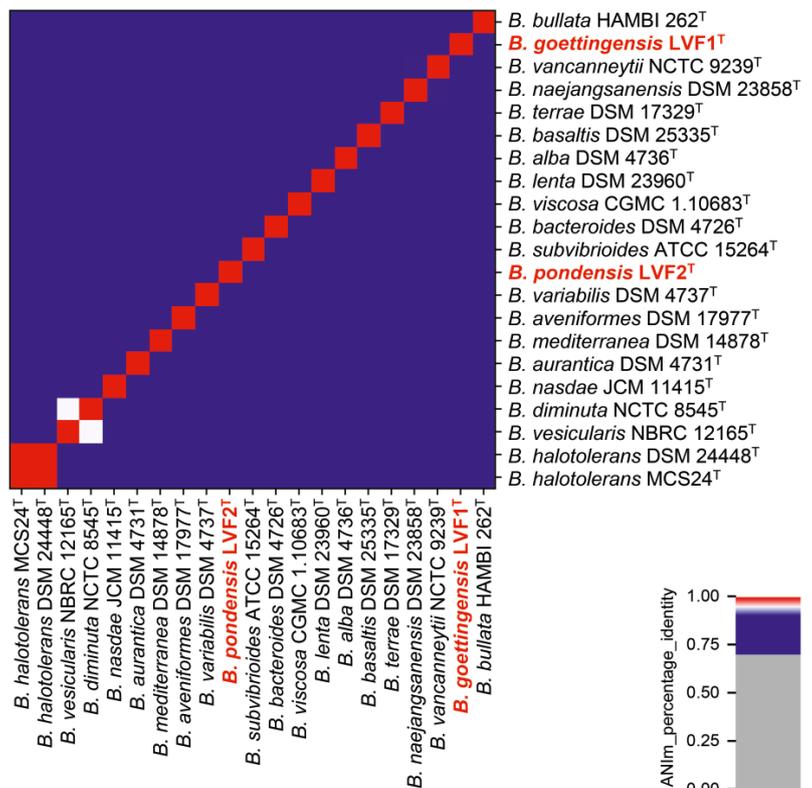
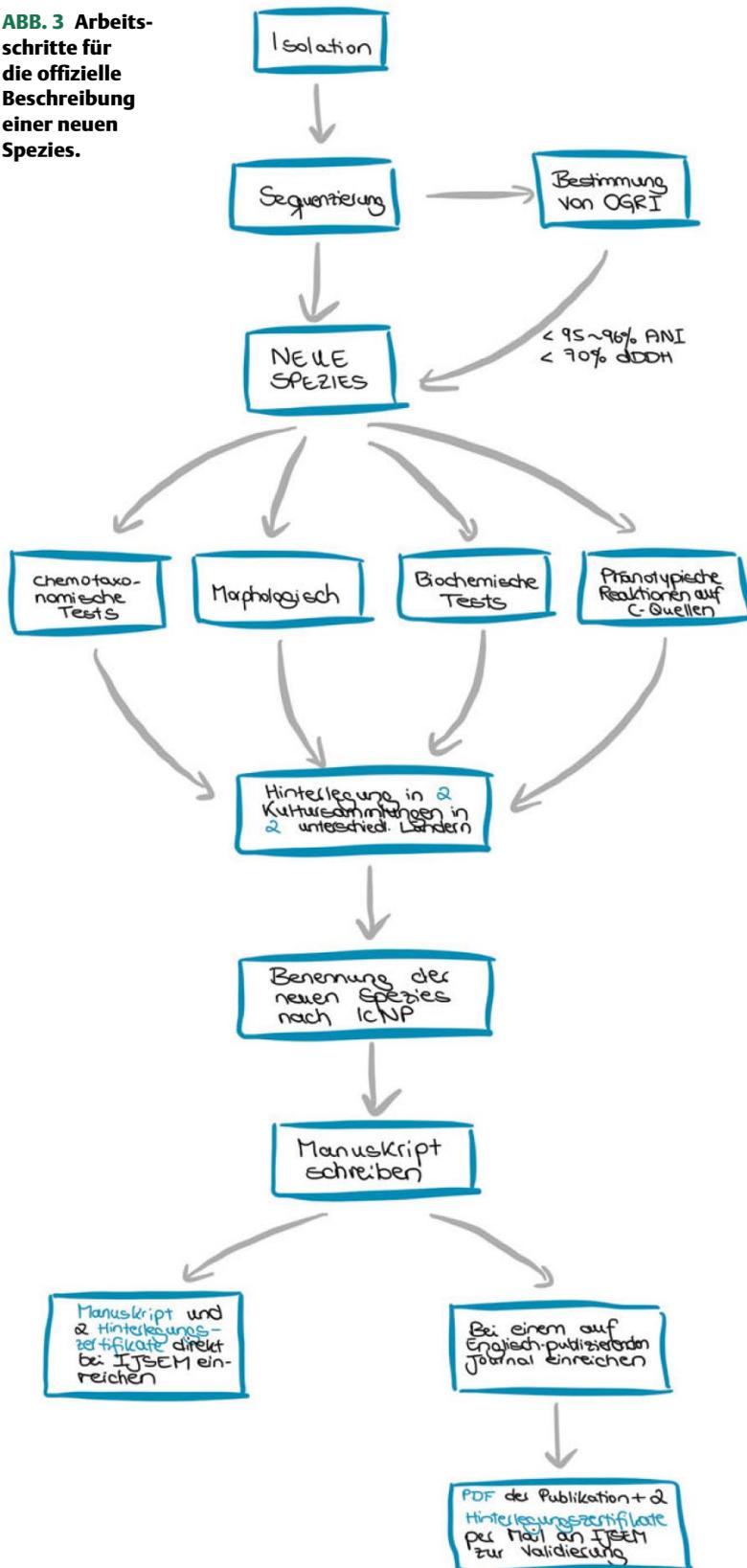


ABB. 1 ANI-Analyse von *Brevundimonas pondensis* und *Brevundimonas goettingensis* im Bezug zu den vorliegenden Typstämmen der *Brevundimonas*-Gattung. Weiß dargestellt ist die Speziesgrenze bei 95% Genomidentität. Rot dargestellt sind Ähnlichkeiten über 95%, die die Zugehörigkeit zur gleichen Spezies markieren. Blau dargestellt sind Ähnlichkeiten unter 95%, die die Zugehörigkeit zur gleichen Gattung aber nicht zur gleichen Spezies markieren.

ABB. 3 Arbeitsschritte für die offizielle Beschreibung einer neuen Spezies.



wenn sie nicht verpflichtend ist, kann eine Speziesbeschreibung ebenfalls sehr aufwerten.

Für die Nachwelt

Wenn man offiziell eine neue Spezies anmelden möchte, sollte man

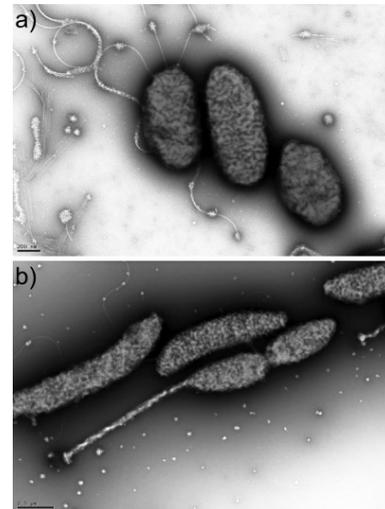


ABB. 2 TEM-Aufnahmen der neu entdeckten Spezies (a) *Brevundimonas pondensis* und (b) *Brevundimonas goettigenis*. Weiterführende Information zu den beiden neuen Spezies sind in [6] zu finden.

diese auch der Forscherwelt bereitstellen. Daher ist die Hinterlegung der neuen Spezies in mindestens zwei Kultursammlungen in zwei unterschiedlichen Ländern obligatorisch. Eine Übersicht von europäischen Kultursammlungen mit englischer Internetpräsenz kann man auf www.eccosite.org finden. So eine Hinterlegung kann einige Monate in Anspruch nehmen, weshalb diese frühzeitig angegangen werden sollte. Um diese nicht unnötig in die Länge zu ziehen, sollte man sich an die Anweisungen der entsprechenden Sammlung halten und mögliche Unklarheiten umgehend kommunizieren. Sobald der Prozess abgeschlossen ist, wird die Hinterlegung mit einer Urkunde (*certificate of deposition*) bestätigt.

Wie soll's heißen?

Der nächste und für den Wissenschaftler sicherlich wichtigste Schritt, ist die Benennung der neuen Spezies. Da in den meisten Fällen die Gattung bereits bekannt ist, gilt es das spezifische Epitheton zu bestimmen. Hierfür gibt es Regeln, an die man sich unbedingt halten muss, um den vollständigen Speziesnamen der Norm entsprechend zu wählen. Eine Übersicht gibt es beim *International Code of Nomenclature of Prokaryotes* (ICNP) [12]. Sehr hilfreich ist auch die Publikation von Aharon Oren zur Benennung neuer

Gattungen und Spezies sowie eine Tabelle von Neu-Lateinern (Stand: 2011), die bereit sind, Mikrobiologen bei der Bildung korrekter Namen zu helfen [13].

Hallo, hier bin ich!

Hat man das alles geschafft, sollte man zu guter Letzt den taxonomischen Vorschlag als Manuskript aufschreiben. Die Anforderung [12] an solch ein Manuskript sind die folgenden: 1. Es muss ein Typstamm benannt werden (bei einer neuen Spezies das eigene Isolat). 2. Der Typstamm sollte in zwei Kultursammlungen in zwei verschiedenen Ländern hinterlegt werden. 3. Der Typstamm muss über die Kultursammlungen für jedermann zugänglich sein (Patentstämme können nicht als Typstämme dienen). 4. Eine korrekte Etymologie und Beschreibung sollte angegeben werden. Die Erstellung eines taxonomischen Vorschlags ist unproblematisch, wenn die vorangegangenen Punkte beachtet wurden. Beispiele für Manuskripte sind auf der Website des IJSEM (<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem>) zu finden.

Das Manuskript sowie die zwei Hinterlegungszertifikate können direkt beim IJSEM eingereicht wer-

den. Es ist aber auch möglich, das Manuskript über die neue Spezies in einem anderen Journal zu veröffentlichen, solange dieses auf Englisch publiziert. Um die Spezies dann vom *International Committee on Systematics of Prokaryotes* (ICSP) anerkennen zu lassen, müssen das PDF-Dokument der Publikation sowie die beiden Hinterlegungszertifikate per E-Mail an das IJSEM zur Validierung geschickt werden. Denn ohne Validierung gibt es auch keine neue und offiziell anerkannte Spezies! Eine schematische Darstellung der nötigen Arbeitsschritte ist in Abbildung 3 zu sehen.

Danksagung

Wir danken unseren Mentoren Rolf Daniel und Fabian M. Commichau für die Anregung zum vorliegenden Manuskript und die konstruktive Unterstützung bei seiner Verfassung. Wir danken Michael Hoppert für seine Unterstützung bei der Realisierung der elektronenmikroskopischen Aufnahmen.

Literatur

- [1] N. J. Fredriksson et al. (2013). PLOS ONE 8, e76431–e76431, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0076431>.
- [2] S. F. Altschul et al. (1990). J. Mol. Biol. 215, 403–410, [https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(05\)80360-2](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2).

- [3] S.-H. Yoon (2017). Int. J. Syst. Evol. 67, 1613–1617, <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.001755>.
- [4] J. Chun et al. (2018). De Meyer, S.; et al. Int. J. Syst. Evol. 68, 461–466, <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.002516>.
- [5] L. Pritchard et al. (2016). Anal. Methods 8, 12–24, <https://doi.org/10.1039/c5Ay02550h>.
- [6] I. Friedrich et al. (2021). Appl Microbiol. 1, 38–59, <https://doi.org/10.3390/applmicrobiol1010005>.
- [7] J. P. Meier-Kolthoff et al. (2013). BMC Bioinformatics 2013, 14, 60, <https://doi.org/10.1186/1471-2105-14-60>.
- [8] P.-A. Chaumeil et al. (2019). Bioinformatics 36, 1925–1927, <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz848>.
- [9] M. Richter et al. (2016). Bioinformatics 32, 929–931, <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btv681>.
- [10] M. Richter, R. Rosselló-Móra (2009). PNAS, 106, 19126–19131, <https://doi.org/10.1073/pnas.0906412106>.
- [11] S.-H. Yoon (2017). Antonie Van Leeuwenhoek 110, 1281–1286, <https://doi.org/10.1007/s10482-017-0844-4>.
- [12] C. T. Parker et al. (2019). Int. J. Syst. Evol. 69, S1–S111, <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.000778>.
- [13] A. Oren (2011). In *Methods in Microbiology*; Elsevier, Vol. 38, S. 437–463, ISBN 978-0-12-387730-7.

*Ines Friedrich,
Georg-August-Universität Göttingen,
Robert Hertel,
Brandenburgische Technische Universität Cottbus-Senftenberg*

UMWELTBILDUNG

Die „Naturverbundenheit“ stärken

Der Schutz von Natur und Umwelt ist eines der zentralen Themen unserer Gesellschaft. Die Fokussierung der Umweltbildung auf die Vermittlung von Fachwissen hat sich in der Vergangenheit als wenig tauglich erwiesen, Menschen für umweltgerechtes Verhalten zu begeistern. Inzwischen hat man die Relevanz ganz anderer Faktoren erkannt, unter denen die „Naturverbundenheit“ eine besondere Rolle zu spielen scheint. Bildungsträger sollten daher diese gezielt in den Blick nehmen.

In unserer heutigen Zeit ist die Menschheit mit immer größeren Umweltproblemen konfrontiert: Der Klimawandel, der Rückgang der globalen Biodiversität oder die Umweltverschmutzung sind nur einige

der prominentesten Beispiele davon. Für viele dieser Probleme sind die Menschen durch ihr Verhalten in entscheidender Weise mitverantwortlich. Um diesen Umweltproblemen entgegenzuwirken, hat sich die

Umweltbildung zum Ziel gesetzt, umweltfreundlicheres Verhalten der Menschen zu fördern.

Bedeutung der Naturverbundenheit

In der Vergangenheit war man der Auffassung, dass eine Steigerung des Wissens über Umweltprobleme direkt zu einer Verbesserung des Umweltverhaltens und damit zum Schutz der Natur führen würde. Daher haben diese Umweltbildungsprogramme ihren Schwerpunkt besonders auf die Vermittlung von kognitiven Kompetenzen gelegt. Viele empirische Untersuchungen zu Umweltbildungsprogrammen kamen jedoch zu dem Ergebnis, dass