ProkaGENOMICS 2017

Von humanpathogenen Pilzen bis zur Dynamik von Mikrobengemeinschaften

Seit dem Jahr 2003 wird in Göttingen die ProkaGENOMICS-Konferenzserie „European Conference on Prokaryotic and Fungal Genomics“ ausgerichtet. In diesem Jahr trafen sich rund 200 Wissenschaftler/innen aus dem In- und Ausland zur siebten Veranstaltung dieser Reihe, die vom Norddeutschen Zentrum für Mikrobielle Genomforschung (NZMG) organisiert wurde. Ein Blick zurück ist außerordentlich aufschlussreich: Während der ersten Veranstaltung 2003 wurden die vollständigen Sequenzen von acht mikrobiellen und archaeellen Genomen aus der Taufe gehoben. Insgesamt waren damals die Sequenzen von 150 Genomen bekannt, eine Zahl, die heute ein einziges Labor an einem Vormittag produzieren kann. Jetzt, nur 14 Jahre später, eröffneten sich den Tagungsteilnehmern basierend auf den damals gelegten Grundlagen tiefgehende Einblicke in mikrobielle Stoffwechselvorgänge, Regulation und Populationsdynamik, die weit über das hinausgehen, was man sich damals vorstellen konnte und die den Begriff *Omics revolution* durchaus rechtfertigen.

Ein erstes Highlight war der Eröffnungsvortrag von Alistair Brown (University of Aberdeen, UK) über den humanpathogenen Pilz *Candida albicans*, der nahezu jeden Bereich des menschlichen Körpers besiedeln und gerade bei immungeschwächten Patienten mitunter verheerende Folgen haben kann. Brown beleuchtete den Einfluss einer ganzen Batterie von Virulenzfaktoren und Fitnessattributen auf das Infektionsgeschehen und lieferte Erklärungen für die unterschiedliche Virulenz von *C. albicans*. Klar wurde aber auch, dass die gezeigten *in vitro*-Studien noch weit vom tatsächlichen hochkomplexen und dynamischen Geflecht zellulärer Wechselwirkungen zwischen Wirtsorganismus und Pilz *in vivo* entfernt sind.

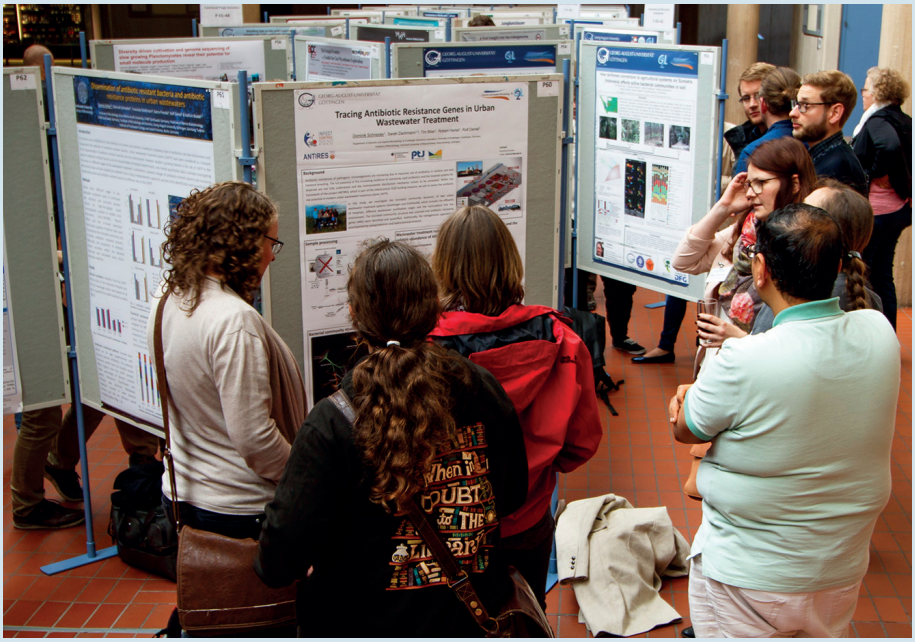

Foto: Dominik Schneider, Universität Göttingen

Eine ganze Reihe von Vorträgen thematisierte alternative Strategien zur Bekämpfung von mikrobiellen Antibiotikaresistenzen, die eine zunehmende Gefahr darstellen. Jan Maarten van Dijl (Groningen, NL) sprach gar von zukünftigen geschätzten 20 Millionen Todesfällen jährlich und einer größeren Gefahr als durch Krebserkrankungen. Er stellte einen interessanten Ansatz zur Entwicklung eines genomreduzierten *Bacillus subtilis*-Stammes für die Herstellung eines Impfstoffs gegen *Staphylococcus aureus* vor. Marc Liles (Auburn, USA) zeigte Ergebnisse einer groß angelegten metagenomischen Studie eines agrarwirtschaftlich genutzten Bodens, die zur Identifizierung und heterologen Expression einer Vielzahl unbekannter PKS-Gencluster führte. Der untersuchte Datensatz umfasst etwa 30 TB, dennoch wurden nur geschätzte 30% der mikrobiellen Vielfalt erfasst. Die technologischen Anforderungen an Sequenzierausstattung und Datenauswertung sind für derartige Studien also bei Weitem noch nicht gesättigt. Ähnliches gilt für Mikrobiomanalysen wie sie Peer Bork (EMBL, Heidelberg) am Beispiel der Darmflora in seinem fantastischen Vortrag zum Abschluss der Tagung vorstellte. Eine Veränderung der mikrobiellen Darmflora wird mittlerweile mit über 30 verschiedenen Krankheiten assoziiert, darunter schwerwiegende Erkrankungen wie Adipositas, Multiple Sklerose und Darmkrebs. Die Methodik hat sich in jüngster Zeit dermaßen weiterentwickelt, dass sich beispielsweise mittels metagenomweiter Assoziationsstudien (MWAS) die Auswirkungen einzelner Arzneien nachverfolgen lassen. SNVs (*single nucleotide variants*) werden eingesetzt, um Spender- bzw. Empfängerstämme nach Fäkaltransplantationen zu ermitteln oder erworbene pathogene bzw. probiotische Stämme im Mikrobiom zu identifizieren.

Das vollständige Programm und die Abstracts sind im Internet zu finden unter www.prokagenomics.org.

Petra Ehrenreich
pehrenr@gwdg.de