

EU-Projekt METAFUNCTIONS

In einem Rutsch...

■ Ein relativ neuer Ansatz zur Identifikation bisher unbekannter Gene ist die sogenannte Metagenomik. Hierbei untersucht man Organismen nicht, wie bisher die Regel, separat. Nein – man durchleuchtet das gesamte genetische Material eines bestimmten Habitats in einem Rutsch. Hochdurchsatz und Bioinformatik machen's möglich.

Vor allem in der marinen Mikrobiologie wird dieser Ansatz immer beliebter – besonders in Hinblick auf die Entschlüsselung von Mechanismen, die es gewissen Spezialisten ermöglichen, sich an Veränderungen von Umweltbedingungen anzupassen. Nachdem in den letzten Jahren die systematische Sequenzierung von Mikrobengenomen mit potenziellem Nutzen für die Medizin im Vordergrund stand, wird man nun mehr und mehr auf diese „ökologisch wichtigen“ Organismen aufmerksam – beispielsweise die Methanproduzenten.

Das Problem bei der Arbeit mit diesen Organismen besteht jedoch darin, dass sie schwer, oftmals auch gar nicht unter Laborbedingungen zu kultivieren sind. Ausweg aus diesem Dilemma hat ihre Untersuchung direkt aus Umweltproben geboten – und damit war die Metagenomik geboren.

Diese Disziplin steckt allerdings noch in den Kinderschuhen und hat mit erheblichen Problemen zu kämpfen. Denn so originell und voller Informationen sie auch sein mag, es fehlt noch an den passenden Methoden, um sie auf breiter Basis nutzbar zu machen. Um diesem Missstand entgegenzuwirken, fördert die EU-Kommission das sogenannte **METAFUNCTIONS-Projekt**, das vier Institutionen aus Deutschland, Schweiz und Polen ins Leben gerufen haben. Koordinator des Projekts ist **Frank Oliver Glöckner** vom Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie in Bremen. Dank gebündelter Expertise von Bioinformatik, Computerwissenschaften, geographischen Informationssystemen und marinen Wissenschaften wollen die beteiligten Forscher gemeinsam ein Data-Mining-System entwickeln, das in der Lage ist, Zusammenhänge zwischen sequenzierten Genen und ihrem ökologischen Kontext herzustellen – mit dem Ziel, bislang unbekanntes Genen eine Funktion zuzuweisen. Zu diesem Zweck wollen sie einen „Genomes MapServer“ einrichten, zu dem Wissenschaftler aus aller Welt Zugang erhalten werden.

