

12. Jan. 18.59.25

RES204_Mikrobielle_Naturstoffe

Willkommen zum Forschungspodcast der Helmholtz-Gemeinschaft.

Ich bin Holger Klein.

Am Saarbrücker Campus der Universität des Saarlandes, da gibt es ein Helmholtz-Institut.

Das ist was anderes als ein Helmholtz-Zentrum.

Dieses Helmholtz-Institut heißt HIPS.

Es gehört zum Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung.

HIPS heißt Helmholtz-Institut für pharmazeutische Forschung Saarland.

An diesem HIPS forscht Daniel Krug an mikrobiellen Naturstoffen und betreibt – es ist alles in Versalien, darum muss ich es dramatisch aussprechen – er betreibt Mikrobelix.

Hallo Herr Krug.

Guten Morgen.

Ich freue mich.

Bevor wir zu Mikrobelix kommen, was sind mikrobielle Naturstoffe?

Pilze?

Nein, um Pilze geht es hier im Saarland tatsächlich nicht.

Dafür gibt es Kollegen am Zentrum in Braunschweig, die sich mit denen beschäftigen.

Wir beschäftigen uns mit Naturstoffen aus Bakterien, insbesondere aus Bodenbakterien.

Und da haben wir auch noch mal eine ganz besondere Organismengruppe sozusagen als Produzenten dieser Naturstoffe, nämlich die Myxobakterien.

Und von denen möchten wir so viele wie möglich im Labor untersuchen und herausfinden, was sie Gutes für uns tun können.

Was sind Myxobakterien für Bodenbakterien?

Das tue ich so, als würde ich verstehen, worüber wir reden.

Also Bodenbakterien ist klar.

Überall sind Bakterien und so halt auch im Dreck, auf dem ich rumlaufe oder der bei mir im Garten ist.

Was genau sind da die Myxobakterien?

Also was macht die besonders?

Ja, also die Myxobakterien sind tatsächlich namentlich nicht so bekannt wie viele andere gängige Bakterien.

Das liegt eben genau daran, dass sie so im Verborgenen werkeln.

Tatsächlich sind Myxobakterien aber sehr wichtige Teilnehmer der Nahrungsketten in den Böden, indem sie eben sowohl Naturstoffe zerlegen,

Pflanzenmaterial, an der Humusbildung beteiligt sind, als auch im Prinzip für so eine Art Gleichgewicht im Boden sorgen, nämlich weil sie durchaus auch andere Bakterien dezimieren können.

Und da sehen wir auch schon, warum wir uns für diese besonderen Myxobakterien hier so als Pharmazeuten und Chemiker und Mikrobiologen interessieren.

Nämlich eben, weil sie uns vorleben, wie man andere Mikroorganismen vielleicht in ihre Schranken verweisen könnte.

Wie machen die das?

Ja, dafür setzen sie ganz raffinierte chemische Tricks ein, indem sie eben Substanzen produzieren, die sie jetzt für ihr eigenes Wachstum vielleicht erst mal nicht brauchen, die sie aber dafür brauchen, um andere Mikroorganismen abzuschrecken oder sogar als Nahrung nutzbar zu machen.

Also gewissermaßen ein Nachbarschaftsstreit mit den Nachbarbakterien, der manchmal ein bisschen eskaliert.

Und wo kommen sie da ins Spiel?

Also sie nehmen jetzt ein Myxobakterium irgendwo aus dem Boden heraus.

Was machen sie mit dem?

Also wie forschen sie daran?

Also zunächst mal interessiert uns, wie das auf molekularer Ebene funktioniert.

Also das heißt, was für Chemikalien sondern diese Myxobakterien ab, um diese Ziele zu erreichen.

Und dafür holen wir sie zunächst mal aus dem Boden heraus in unsere Laborumgebung.

Das funktioniert häufig ganz gut.

Allerdings muss man auch oft zu Tricks greifen, denn Myxobakterien sind eigentlich nicht evolutionär dafür gemacht, in einem Glaskolben mit einer üppigen flüssigen Nährlösung zu leben, sondern sich eben ihre Nahrung im Boden gewissermaßen selber zu besorgen.

Werden die sonst faul?

Oder wie muss ich mir das vorstellen?

Ja, so kann man sich das ungefähr vorstellen.

Entweder mögen sie ihre neue Umgebung zunächst mal gar nicht so gerne und wir müssen eine ganze Menge Versuche machen, um sie überhaupt erstmal hier in der Laborumgebung zum Wachsen zu bekommen.

Oder sie verzichten dann darauf, gewissermaßen ihre chemische Abschreckung weiter aufrecht zu erhalten, da ja die Mitbewerber im Boden gar nicht mehr vorhanden sind, sodass sie dann nicht all das produzieren, was sie vielleicht in der Natur machen.

Das alles spielt in unserer Arbeit mit rein.

Das bedingt dieses Detektivspiel, das wir gewissermaßen mit den Myxobakterien spielen.

Aber wie finden Sie denn raus, ob das Myxobakterium, das Sie sich da gerade ins Labor geholt haben, ob das sich gerade artgerecht verhält oder eben nicht artgerecht verhält?

Weil Sie sehen ja nur, wie es sich aktuell verhält.

Ja, also zunächst mal ist für uns wichtig, was kann dieses Bakterium?

Also zum Beispiel, ob ein Extrakt dieser Bakterienkultur, wenn wir ihn herstellen, gegen andere Mikroorganismen wirkt, gerne natürlich gegen krankheitserregende Keime.

Dann ist es aber auch so, dass wir die DNA-Sequenz dieser Myxobakterien, also ihr komplettes Erbgut, bestimmen können.

Und da können wir dann im Prinzip die Baupläne ablesen für Naturstoffe, für Wirkstoffe.

Und wenn wir da eine Diskrepanz sehen, drängt sich natürlich der Verdacht auf, dass das Bakterium eben bei uns im Labor nicht all das tut, wozu es eigentlich imstande wäre.

Moment, Sie können in der DNA eines Bakteriums sehen, wie es sich theoretisch verhalten müsste?

Ja, wir können zu einem gewissen Grad praktisch die Baupläne für Naturstoffe dort erkennen.

Das ist in vielen Fällen nicht so, dass man sofort sagen könnte, aha, das Molekül müsste so und so aussehen.

Und ich kann das als Chemiker jetzt praktisch auf Papier zeichnen, was das Bakterium da kodiert.

Aber wir können eine gute Vorahnung bekommen, darüber wie viele und welche ungefähr dieser Substanzen wir eigentlich zu erwarten hätten.

Und da stellen wir eben sehr oft fest, das sind nicht so viele und manchmal auch

nicht die, die wir erwarten, sondern das ist praktisch nur ein kleines Set.

Also das Bakterium tut uns zunächst mal freiwillig nur den Gefallen, einen kleinen Teil seines chemischen Waffenarsenals, wenn man das jetzt mal so nennt, zu offenbaren.

Sind Sie denn in der Lage zu sehen, wie viele chemische Waffen im Arsenal sind oder können Sie das nur vermuten?

Also wir können da in der Regel eine Abschätzung treffen.

Ganz genau wissen wir es nicht, da wir auch ja erst dabei sind als Forscher zu lernen, wie diese ganzen Biosynthesen funktionieren.

Da ist man die letzten 20, 30 Jahre schon sehr weit gekommen.

Aber natürlich überraschen uns die Bakterien auch immer wieder mit neuen Ideen.

Und die entdecken wir dann vielleicht eher auf dem Umweg der Bioaktivität.

Aber normalerweise kann dieses Bakterium im Einzelfall schon zwischen 10 und 30 interessanten Substanzklassen produzieren und absondern, die möglicherweise gegen andere Bakterien wirken.

Also das Potenzial kann man praktisch erkennen, wie viel davon wirklich zur Anwendung gebracht wird.

Das ist eine andere Frage.

Das heißt, Sie haben immer mal wieder im Labor verblüffende Momente, wo Sie denken, huch, das kann es auch?

Richtig, das haben wir.

Wir haben eine Vorahnung aufgrund von dem, was wir im Genom sehen.

Wir analysieren dann diese Bakterien-Extrakte, also diese bunten Lösungen mit ganz vielen Naturstoffen drin.

Das tun wir mit einer ganzen Menge Hightech-Einsatz und kriegen dann Hinweise darauf, was für Moleküle da drin sind.

Und nicht selten sind wir aber verwundert, was wir dort zusätzlich finden.

Oder dass wir eine Substanz, die wir von einem ganz anderen Bakterium kennen, vielleicht auch plötzlich mal in den Myxobakterien finden.

Auch solche Fälle gibt es.

Könnten Sie Ihre Hightech benutzen, um früher oder später, sagen wir mal, weil wenn Sie es jetzt könnten, würden Sie es wahrscheinlich tun, wir würden über etwas ganz anderes reden.

Aber denken Sie, Sie sind irgendwann in der Lage, sich ein Myxobakterium zu designen?

Ist ja, was sage ich, bauen wir das jetzt genau so, dass es genau die eine Waffe benutzt, die es im Arsenal hat?

Ja, also ein gesamtes Bakterium, das wird noch ein sehr langer Weg.

Da ist auch die Frage, müssen wir das überhaupt tun?

Denn im Laufe der Evolution, über viele, viele Jahrhunderttausende, hat sich ja eine große Artenvielfalt von Myxobakterien etabliert.

Wir denken, wir reden von über tausend Spezies, die dort im Boden unterwegs

sind, von denen wir bisher, ja, ich denke mal kaum hundert erst kennen.

Wahrscheinlich sind es sogar noch viel mehr.

Es ist aber durchaus so, dass wir da auch designerisch tätig werden können.

Vielleicht nicht gleich für ein ganzes Bakterium, sondern für einen einzelnen Bauplan für einen Naturstoff.

Und das ist etwas, was im Labor durchaus schon passiert, dass wir also eine interessante Biosynthese entdecken, die einen interessanten Wirkstoff hervorbringt.

Und jetzt hätten wir gerne mehr davon.

Wir möchten also das Bakterium, am liebsten möchten wir es dazu einladen, mehr zu produzieren.

Dieser Einladung kommen Myxobakterien jetzt nicht unbedingt immer nach.

Das heißt, wir müssen etwas nachhelfen.

Das heißt, diese genetische Information kann man sehr schön dafür einsetzen, um die Biosynthese zu modifizieren, sodass sie vielleicht länger läuft und nicht erst, wenn das Bakterium das Gefühl hat, es möchte anfangen zu produzieren.

Und man kann natürlich auch probieren, den Bauplan zu ändern.

Dazu muss man erst mal verstehen, wie der funktioniert.

Also welche Bauelemente, welche Naturstoffbestandteile setzt das Bakterium hier zusammen, um das fertige Molekül zu produzieren?

Und darauf verwenden wir durchaus einen großen Teil unserer Arbeit.

Also wirklich im Detail zu verstehen, wie wird dieser Naturstoff zusammengebaut?

Wie können wir im Bakterium vielleicht Kleinigkeiten ändern, damit eine andere Variante dieses Stoffes gebaut wird?

Denn es ist ja auch so, dass Naturstoffe, die entdeckt werden, nur selten nachher genauso als Medikament zur Anwendung kommen.

Da ist ja eine lange Entwicklung dazwischen, zwischen dem entdeckten Naturstoff und dem, was dann nachher als Tablette oder Spritze verabreicht wird.

Und wir probieren da eben bereits auf der biosynthetischen Ebene anzusetzen.

Sie haben doch garantiert ein Wort dafür, wenn Sie nachhelfen, dass die Bakterien produzieren, was sie wollen, dass sie produzieren, oder?

Wie nennen Sie das?

Kitzeln?

Ja, da gibt es eine ganze Menge Worte.

Also der Fachbegriff wäre Heterologe-Expressionen, dass man zum Beispiel ein Biosynthese-Gen-Cluster, wir nennen es Gen-Cluster, also eine Anordnung von Genen, denn es ist eigentlich praktisch nie nur ein einzelnes, dass man also dieses Gen-Cluster herausnimmt und in ein Bakterium überführt, dass wir dann so modifizieren, dass es mehr von dem Naturstoff produziert, oder zum Beispiel könnte es auch ein Bakterium sein, was einfach schneller wächst oder leichter zu handhaben ist für uns.

Und das sind dann die biotechnologischen Forderungen, dass man sagt, Bakterien, wenn man sie schon als nachhaltige Quelle von Naturstoffen nimmt,

dann müssen sie auch reproduzierbar, kultivierbar sein, dann müssen sie in einen großen Bioreaktor gesteckt werden können, man muss sie einfrieren und immer wieder auftauen können.

Und manchmal gibt es eben Bakterien, mit denen das besser geht, und wenn man denen dann den Bauplan eines Myxobakterien geben kann, kann das eine sehr interessante Hilfe sein, um reproduzierbar an größere Mengen Naturstoff heranzukommen.

Also das wäre das Beispiel der sogenannten Heterologen-Expressionen, also Gene in einen anderen Wirt überführen.

Ein anderes Beispiel wäre die Aktivierung solcher Gen-Cluster direkt im natürlichen Bakterium, womit es dann eben natürlich kein natürliches Bakterium mehr ist.

Wie aktiviert man denn einzelne Gene?

Ja, da gibt es in der Biologie das Konzept der Promotoren, das heißt, wenn Gene abgelesen werden, dann ist eine bestimmte Erkennungssequenz dafür verantwortlich, wann oder wie effizient das passiert oder in welchem Ausmaß.

Und diese kann man austauschen und zum Beispiel einen Promotor, der vielleicht nur für kurze Zeit aktiv ist, oder der nur für kurze Zeit normalerweise diese Biosynthese aktivieren würde, über das Leben des Bakteriums hinweg durch einen Austausch, der auf Dauer ansteht, und auch durch diesen Trick, das Bakterium dazu bringen, mehr Naturstoff zu produzieren, das geht manchmal nach hinten los.

Es gibt zum Beispiel vielleicht gute Gründe, warum eine bestimmte Substanz, die antibiotisch wirkt, von dem Bakterium nur mal kurz und in kleinen Mengen produziert wird.

Vielleicht geht diese Substanz dem Bakterium selber gehörig auf die Nerven, und

dann wird dieser Trick nach hinten losgehen.

Also da ist, das ist ein sehr kniffliges Feld, wo man viel ausprobieren muss und sich viel überlegen muss.

Wir haben aber noch einen anderen Trick, wo man gar nicht das Genom kennen muss, oder auch gar nicht in die Genetik der Bakterien so tief eingreifen muss.

Wir können dem Bakterium vorspiegeln, es hätte ja noch gar nichts produziert von seinem Stoff, den es absondert.

(Habens) Sie nehmen dem einfach das Neugeborene wegnehmen.

(Siebert) Ja, zum Glück nur auf ganz grundlegender molekularer Ebene.

Denn wir würden dann zum Beispiel eine Adsorbenssubstanz zugeben, und diese bindet gewissermaßen die Naturstoffe, die vom Bakterium abgegeben werden.

Und wenn das Bakterium jetzt eine Messung durchführt, wie viel habe ich schon produziert in meiner Umgebung, und stellt fest, da ist ja gar nichts, dann tut es uns vielleicht den Gefallen und macht einfach weiter.

Und diesen Trick verwenden wir tatsächlich mit Myxobakterien sehr regelmäßig.

Also das ist einer unserer Standardtricks, um praktisch die Naturstoffe aus dem Kulturmedium abzuziehen, so dass das Bakterium einfach weiter macht.

Der Fachbegriff dafür wäre praktisch die Feedback Inhibition, also die Rückkopplungsinhibierung, wäre es auf Deutsch, auszuschalten, so dass das Bakterium kein Feedback mehr hat, das es eigentlich schon eine ganze Menge produziert hat und jetzt mal aufhören könnte damit.

(Habens) Wenn Sie so ein Bakterium haben und daran all diese Tricks vollziehen und in die DNA gucken und gucken, welches Arsenal hat es möglicherweise,

welches setzt es ein, wie lange arbeiten Sie an einem Bakterium?

(Siebe) Ja, das kann schon ganz erheblich Zeit in Anspruch nehmen.

Man muss dazu wissen, bei uns in der Abteilung sind permanent viele Dutzend dieser Bakterien in Arbeit, bei den Mitarbeitern.

Das heißt, im Prinzip ist das wie so ein Bakterien-Warenhaus.

Die stehen in Regalen bereit und werden für Tests eingesetzt und werden kultiviert.

Und letztendlich entscheidet sich auch, wie viel Arbeit man in das Einzelne reinsteckt.

Das entscheiden wir auch anhand dessen, wie erfolgversprechend das aussieht.

Das heißt, wie früh sehen wir, dass da ganz viele Baupläne drin sind, dass es vielleicht sehr interessante bioaktive Wirkstoffe freisetzt, wie leicht ist es kultivierbar, wie reproduzierbar ist dieses Wirkstoffprofil.

Man könnte auch sagen, die Bakterien sammeln sozusagen Pluspunkte bei uns.

In dem Moment, wo wir sie ins Labor holen.

(Siebe) Wenn sie sich anstrengen.

(Siebe) Stempelchen.

(Siebe) Genau.

(Siebe) Bakterien, die mehr Sternchen sammeln, die bekommen dann auch einen höheren Aufwand.

Denn daraus haben wir die größeren Erfolgchancen, etwas zu bekommen, was vielleicht wirklich als Wirkstoff geeignet ist.

Und das kann dann durchaus viele Monate in Kauf nehmen.

Es können auch einzelne Bakterien zum Hauptthema einer ganzen Doktorarbeit werden.

Das kann sehr schnell passieren mit einem hoffnungsvollen Bakterium.

(Sprecherwechsel) Ist das dann ein ständiger Work in Progress an jedem einzelnen Bakterium?

Oder ist irgendwann auch mal gut und ihr sagt, ey komm, Bakterium, weiß ich nicht, wie heißen die überhaupt alle?

Schneiderei, Bakterium Schneiderei hat jetzt ausgedient.

(Siebe) Richtig, genau.

Typischerweise haben die Mixobakterien manchmal sehr bildliche Namen.

Falls man Lateiner ist, erschließen sich einem die auch.

Ich selber bin das bereits nicht mehr.

Aber die heißen zum Beispiel *Myxococcus xanthus* oder *Chondromyces crocatus* oder *Stigmatella aurantiaca*.

Manchmal kann man daran so ein bisschen eine Anspielung sehen an dem Namen, wie der optische Eindruck des Bakteriums ist, wenn es unter dem Mikroskop betrachtet wird.

Oder es geht um bestimmte Eigenschaften, zum Beispiel sich gleitend über

Oberflächen fortzubewegen.

Oder ganz bestimmte Formen von Fruchtkörpern hervorzubringen.

Denn das ist...

(Franz) So wie wir auch das Coronavirus benannt haben, weil Krönchen drauf sind.

(Siebe) Ja, so in die Richtung geht das durchaus.

Und letztendlich kommen dabei eben auch die sichtbaren und leichter erschließbaren Eigenschaften der Bakterien häufig zum Einsatz für die Benennung.

Zunächst mal kriegen sie bei uns allerdings, wenn sie aus der Bodenprobe kommen, erstmal nur einen sehr einfachen Datenbanknamen.

Also es kann dann zum Beispiel durchaus das Myxobakterium MCY-9487 sein.

Im Laborjargon würde man dann sagen, der 9487 wächst schon wieder nicht.

(Franz) Okay.

(Siebe) Oder sowas.

Die Kollegen gucken da bedeutungsvoll oder mitleidig und wissen sofort, was gemeint ist.

Also es kann durchaus sein, dass das Bakterium erstmal sich durch eine ganze Doktorarbeit nur als Nummer hindurchzieht.

(Franz) Die Naturstoffe, also die Substanzen, die dann da rauskommen aus ihrer Forschung oder ihrer Arbeit am Bakterium, was sind das für Stoffe?

Antibiotisch haben sie eben schon mal gesagt.

Sind das immer Antibiotika, die wir da bauen?

Also ist das die Rettung dafür, dass uns die Antibiotika ausgehen, was sie da machen?

(Siebe) Ja, so Antibiotika ist das, was uns ganz besonders interessiert, wegen dem hohen Bedarf für neue Wirkstoffe in diesem Bereich.

Letztendlich produzieren Myxobakterien aber eine interessante Vielfalt an Wirkstoffen, die häufig auch durch sehr unterschiedliche Mechanismen auf andere Organismen wirken können.

Darunter sind antibiotische Substanzen, darunter sind aber auch zytotoxische Substanzen.

Das heißt, man könnte sagen, im Boden scheinen Myxobakterien durchaus auch etwas gegen Eukaryonten zu haben oder also gegen höherzellige Lebewesen.

(Franz) Ach so, Zytotoxe, Zellgifte.

(Siebe) Zellgifte, genau.

Das ist etwas, was zum Beispiel eher für die Krebsforschung interessant sein könnte.

Also solche Substanzen verschweigen wir nicht, wenn wir sie finden, ist aber eben hier am Hips in Saarbrücken jetzt tatsächlich nicht unser Forschungsgegenstand.

Die teilen wir dann gerne mit Forschern in anderen Bereichen gewissermaßen.

Deswegen ist es eben auch so wichtig, dass neue Naturstoffe publiziert werden und die ganze Community, die wissenschaftliche Community, weiß, dass es die gibt und findet dann vielleicht eine interessante Anwendung dafür.

Wir finden tatsächlich auch antivirale Substanzen.

Das denkt man jetzt auch erst mal nicht, dass Myxobakterien sich von Viren bedroht fühlen könnten und Aufwand treiben, um sich die fernzuhalten.

Aber natürlich gibt es ja auch Viren, die Bakterien befallen.

Es gibt die Bakteriophagen und offensichtlich sehen Myxobakterien Bedarf, sich auch gegen die zu wehren.

Und dann finden wir auch eine ganze Menge Substanzen, die jetzt nicht gegen andere Bakterien, aber zum Beispiel gegen Pilze wirken.

Und das kann man sich schon bildlich relativ gut vorstellen, dass eben so im Waldboden natürlich die Pilze, also jetzt nicht die Fruchtkörper, wie wir sie sehen, die Champignons, sondern eben die mikrobiellen Pilze.

(A) Obwohl sehr bestimmt spektakulär auswendig Bakterien gibt, die Champignons umgreifen.

(B) Auf jeden Fall sind das natürlich irgendwie auch die Fraßfeinde oder die Mitbewerber, sagen wir mal die Mitbewerber der Myxobakterien im Boden.

(A) Antibiotika, Zytotoxine, antivirale Bakterien, fungizide Bakterien, haben wir die übersehen?

Also warum höre ich davon nicht viel, viel mehr?

Ist die Forschung relativ jung?

(B) Ja, also die Forschung an den Myxobakterien als spezielle Produzentengruppe, die ist tatsächlich auch nicht mehr ganz jung, hat aber eigentlich erst so Anfang der 2000er richtig Schwung aufgenommen.

Man muss aber natürlich sagen, Pioniere der myxobakteriellen Naturstoffe waren auch in den 80ern am HZI in Braunschweig zum Beispiel bereits schon sehr aktiv und haben Naturstoffe gefunden und beschrieben, Struktur aufgeklärt, ihre Wirkungen erforscht.

Also da können wir auf reichhaltige Vorarbeiten aus Jahrzehnten zurückgreifen.

Es ist aber natürlich so, dass viele Medikamente, die auf dem Markt sind, die natürlich von Bakterien oder Pilzen gebildet, eben nicht das Originalmolekül sind, so wie es in der Natur vorkam, sodass der Ruhm dann sozusagen später von einer synthetischen Variante, die die Chemiker modifiziert haben, könnte ich jetzt mal sagen, eingesammelt wird.

Und der eigentliche Naturstoff dahinter ist dann vielleicht eher dem Spezialisten im Feld bekannt.

Aber es gibt natürlich auch andere Beispiele.

Ich meine das Penicillin ist sehr breit bekannt, wie das gefunden wurde, wo es herkommt.

Ja, auch andere Medikamente können ihren Naturstoffursprung schwer verheimlichen.

Also Naturstoffe sind für die Wirkstoffentdeckung schon immer eine sehr wichtige Quelle gewesen.

Das Ausmaß, in dem sie in der Natur vorkommen und auch so in der mikrobiellen Welt, das ist vielleicht so in den letzten zwei Jahrzehnten, auch aufgrund der technologischen Fortschritte, erst besonders klar nochmal geworden.

Wie viele verschiedene Produzentengruppen wir da eigentlich zur Verfügung haben.

Und es ist natürlich auch klar, dass in der Frühzeit der mikrobiellen Naturstoffe erstmal die Produzenten, die sehr augenscheinlich waren, die man im Labor sehr gut kultivieren konnte, zur Anwendung kamen.

Und da haben sich natürlich die Actinomyceten, die Streptomyceten, sehr hervor getan und dominierten also praktisch die frühen Jahrzehnte der mikrobiellen Naturstoffforschung.

Penicillin ist das eine, das werfe ich mir nicht ständig ein.

Heißt das, im Zweifelsfall ist mein Ibuprofen auch irgendwas, was Sie hätten erforschen können?

Ich glaube, Ibuprofen ist jetzt, also da erwischen Sie mich jetzt als Chemiker, der Moleküle immer so eher als Moleküle sieht, während der Pharmazeut immer auch sofort im Hintergrund die Connection zum Wirkmechanismus und zur Anwendung hat.

Ich glaube aber ehrlich gesagt, Ibuprofen ist kein Naturstoff.

Ich meine mich zu erinnern, dass das eigentlich eher eine vollsynthetische Substanz ist, die aber auch schon eine lange Geschichte der Anwendung und sehr interessante Wirkungen hat.

Ist aber glaube ich jetzt nichts typischerweise, was Myxobakterien produzieren würden.

Und dafür gibt es natürlich auch Gründe, denn letztendlich tun die das ja nicht, um uns einen Gefallen zu tun als Menschen und um uns in die Hände zu spielen, sondern zunächst mal entwickeln sie im Laufe der Evolution Substanzen, die in

ihrem ganz speziellen Lebensraum für sie vorteilhaft sind.

Und die sind dann keineswegs optimiert für die Anwendung bei Menschen oder einfach so fertig einsetzbar oder auch nur in den Mengen verfügbar, die wir für eine Therapie bräuchten.

Das heißt, das erklärt ganz gut, warum viele Medikamente, wenn man das Molekül anschaut, sich dann auch nochmal sehr davon unterscheiden, was wir in der Natur finden.

Warum können sie eigentlich nicht einfach das Pferd von hinten aufzäumen und sagen, ich möchte eine bestimmte Wirkung erzielen und crisper, kasemeder, jetzt irgendwie einen Stoff zusammen, der diese Wirkung hat?

Ja, das wäre natürlich traumhaft.

In diese Richtung gibt es auch durchaus Forschungsansätze und auch Kollegen in anderen Abteilungen, die sich mit so etwas beschäftigen, dass man praktisch sagt, es gibt das Target, also die Angriffsstelle in dem Organismus, den man bekämpfen möchte.

Jetzt sucht man mal etwas, was darauf passt.

Das ist ein bisschen ein anderer Ansatz.

Der wird vor allem durch sogenanntes virtuelles Screening und Substanzbibliotheken, die man dann synthetisch erzeugt, verfolgt.

Im Bereich der Naturstoffe ist diese Idee natürlich auch da.

Und im Prinzip ja, so eine Art Wunschvorstellung, dass man sagt, man weiß jetzt, wie diese Baupläne der Naturstoffe funktionieren.

Man kann jetzt wie Lego neue Biosynthesen zusammensetzen, die dann nicht nur

funktionieren und gut funktionieren, sondern auch noch genau ein Molekül hervorbringen, was für einen bestimmten Zweck optimiert ist.

Da muss man aber schon sagen, dass wir da noch von der Zukunft reden.

Im Moment sind wir praktisch in einer Phase, wo wir noch völlig überwältigt sind von dieser Vielfalt von Bauplänen, wo wir mühsam herausfinden, wie funktioniert diese Biosynthese.

Das sind durchaus auch wiederkehrende Funktionen, die wir da finden, also Enzyme, die zusammenarbeiten auf bestimmte Weise.

Und das sind durchaus sehr viele Schritte für ein Molekül, die da hintereinander vollzogen werden von der Natur.

Und fast immer finden wir, wenn wir eine neue Naturstoff-Biosynthese aufklären, auch Schritte, die wir so noch gar nicht kannten oder die hier in ungewöhnlicher Weise von dem Bakterium praktiziert werden.

Das heißt, im Prinzip sind wir gerade dabei, diesen sehr schlagkräftigen Baukasten an Lego-Bausteinen überhaupt erst zu etablieren.

Und in der Zukunft kann man sich natürlich vorstellen, dass dieses Wissen dann mit Hilfe von KI-Methoden auch kombiniert wird, um funktionsfähige neue Moleküle zu produzieren.

Das ist so ein bisschen wie der Schritt, wenn man jetzt Elektronik-Bastler wäre zum Beispiel, dass man eine einfache Blink-Schaltung gebastelt hat und die Elektronik schreitet fort und Jahre später kriegt man für dasselbe Taschengeld einen kaum schreckhaften großen Mikrocomputer, wo man ganz kleine Programme reinschießen kann.

Also ungefähr so kann man sich diesen Entwicklungssprung auch vorstellen.

Sie entdecken da gerade eine neue Welt sozusagen.

Richtig, genau.

Also die genom-basierte Naturstoff-Forschung hat unglaubliche Türen geöffnet und ist dabei, die weiter zu öffnen.

Und das richtig nutzbar zu machen, das wird die große Herausforderung der nächsten Jahre sein.

Ich kann das auch selber sehr gut nachvollziehen, wenn ich bedenke, was die Anfänge meiner Doktorarbeit waren.

Da haben wir auch bereits über Genom-Sequenzierungen nachgedacht und sie auch durchgeführt.

Aber das waren dann Projekte, die dauerten Monate bis Jahre.

Wenn denn überhaupt das Genom am Stück bei rauskam und nicht in viele, viele Teilstücke, die man dann nicht richtig zusammenpuzzeln konnte, zerlegt.

Und jetzt tun wir sowas im Prinzip wöchentlich und monatlich, dass wir Bakterien in die Genom-Sequenzierung geben und dann die Gesamtheit des Genoms, was in der Regel so 10 bis 15 Millionen Basenpaare sind, bei Mixobakterien zurückbekommen.

Und das dauert wie lange?

Das ist immer ein bisschen unterschiedlich.

Manche Bakterien sind, wir nennen sie einfach sequenzierbar.

Da kann man im Prinzip nach wenigen Tagen die Rotdaten haben.

Dann muss ein Algorithmus die noch zusammensetzen.

Die Rechenzeiten können durchaus auch mal beträchtlich sein.

Aber man kann durchaus wenige Wochen später das Genom vorliegen haben.

In schwierigen Fällen muss man vielleicht nochmal probieren oder verschiedene Technologien zum Einsatz bringen oder die genauen Bedingungen ein bisschen variieren.

Vielleicht muss danach auch noch ein Bioinformatiker ganz schön Zeit rein investieren, um die sogenannte Assemblierung, also die Puzzleteil-Zusammensetzung zu optimieren.

Und dann kann das halt auch mal etliche Monate dauern.

Vielleicht ist es beim ersten Versuch auch noch ein sehr nicht-perfektes Genom.

Also von dem Zustand her, den man eben an Sequenzen kriegt.

Und bei einem zweiten Versuch gelingt es dann, das Genom zu schließen, so nennen wir das.

Das heißt, das, was in der Natur am Stück vorliegt, dann auch wirklich digital am Stück als Datensatz zu haben.

Ich hatte mir jetzt völlig naiv vorgestellt, dass wenn Sie Genomsequenzierung machen, dass Sie dann halt eine Zelle in einen magischen Apparat stecken und der zieht da praktisch diesen Faden mit den Basenpaaren raus und breitet den aus und dass Sie das unmittelbar dann auch in der richtigen Reihenfolge richtig zusammengebaut haben.

Ist das gar nicht so?

Das kriegt man am Stück nicht hin.

Okay, wir müssen einen Exkurs machen.

Genomsequenzierung.

Wie sequenziert man Genome?

Ja, da gibt es heute eine Vielfalt von Methoden.

Manche zielen darauf ab, tatsächlich große Stücke von DNA am Stück zu sequenzieren.

Da hat man dann tatsächlich vielleicht auch mal 10.000, 15.000 Basenpaare hintereinander.

Aber ich hatte ja eben erwähnt, 10 bis 15 Millionen Basenpaare, also die Maßeinheit der DNA, machen ein Myxobakteriengenom aus.

Das liegt als ein Riesenkringel, könnte man sich das vorstellen, der so ein bisschen verkneult ist, liegt das in der Zelle vor.

Am Stück funktioniert das auf jeden Fall nicht.

Es werden immer Teilstücke sein.

Die Frage ist, wie groß kann man die hinbekommen?

Zunächst mal klingt ein längerer Abschnitt erstmal hilfreicher als kurze Abschnitte.

Allerdings gelingt es häufig, kurze Abschnitte viel genauer zu bestimmen.

Das heißt, nicht selten haben wir hier einen Zustand, wo zwei Methoden dann

kombiniert werden.

Eine Methode, die sehr lange Abschnitte liest, allerdings vielleicht ein paar Fehler drin hat, ein paar Lesefehler, kann man das ruhig nennen.

Und dann haben wir noch ganz viele kleine Schnipsel, sagen wir mal viele Millionen kleine Schnipsel, die aber alle sehr genau bestimmt sind.

Die man dann mit einem Algorithmus praktisch mit den langen Abschnitten kombiniert und dann ein immer genaueres Genom bekommt.

Idealerweise, bis man am Ende sich sehr sicher ist, dass man jetzt genau den Kringel digital reproduziert hat, den das Bakterium in der Natur in jeder Zelle trägt.

Das ist also eine gute Genomsequenzierung, ist eine Kunst für sich, könnte man sagen.

Wenn Sie sagen ablesen in der Sequenzierung, wie lesen Sie das überhaupt ab?

Ja, da gibt es verschiedene Methoden.

Vorher war ja schon die Anspielung darauf, praktisch DNA irgendwo durchzufädeln.

Es gibt tatsächlich auch eine Technologie, die so ähnlich funktioniert, wodurch sogenannte Nanoporen, DNA-Strenges durchgefädelt und regelrecht abgelesen werden.

Und es funktioniert dann eben für eine bestimmte Länge und dann hört es auch wieder auf.

Oder aber oft ist es auch gar nicht möglich, die genomische DNA am Stück zu bekommen.

Das heißt, sie kommt bereits fragmentiert, so nennen wir das, also in Stücke zerlegt aus der Zelle raus oder beziehungsweise unsere Methode im Labor zerlegt sie vielleicht in Stücke, sodass man also das Gesamtgenom niemals an einem Stück wird durchlesen können.

Ja, da bedienen wir uns im Prinzip in der Naturstoffforschung aktuell allen Technologien, die es am Markt so gibt, um möglichst gute Genome zu erzeugen.

Das Ziel ist ja immer, biosynthetische Gencluster dort ablesen zu können und die sind nicht ganz klein.

Die sind normalerweise so groß, dass sie mehr als einen Schnipsel sozusagen abdecken.

Das heißt, wir sind darauf angewiesen, in guter Qualität längere Genomabschnitte wirklich als Vorlage zu haben.

Und automatisierte Algorithmen sind erst recht darauf angewiesen, dass sie diese Information akkurat bekommen können.

Und wenn man soweit mal ist, kann man Erstaunliches tun, denn man kann mit bioinformatischen Tools Vorhersagen treffen, was für Biosyntheseschritte in diesem Abschnitt wahrscheinlich vonstatten gehen oder welche da kodiert sind.

Und ja, dann kann man als Chemiker anfangen, die Fantasie spielen zu lassen, sich überlegen, wie könnte dieses Molekül aussehen.

Und das ist natürlich, wenn ich sage, die Fantasie spielen lassen, das schreit schon danach, sollte da nicht künftig KI eine Rolle spielen.

A: Also hat KI genug Fantasie, um sie spielen zu lassen?

B: Das wird eine sehr interessante Frage.

Ich denke, das müssen wir als nächstes rausfinden, was Naturstoffmoleküle betrifft.

A: Wenn sie da die Fantasie spielen lassen, ich denke, ich gucke mal, was es macht, wenn ich hier piekse oder da rüttel.

Ist das ihre Arbeit, das Rausfinden, was für Wirkungen und was für Wirkstoffe da rauskommen?

Ist das Handarbeit, träufeln sie Dinge in Reagenzgläser oder ist das was, was letztlich alles im Computer als Simulation erst mal stattfindet?

B: Ja, das ist denke ich mal ein bisschen von beidem.

Es ist natürlich schon immer noch sehr viel Handarbeit dabei.

Das heißt, wenn wir einen bestimmten Biosynthesebauplan identifiziert haben, der interessant ist, zum Beispiel weil wir bereits bewiesen haben, dass er für ein neues Wirkstoffmolekül verantwortlich ist, dann kommt eine ganze Menge Handarbeit, wo es darum geht, rauszufinden, wie funktionieren diese ganzen Schritte, wie wird das wirklich zusammengebaut, was davon ist vielleicht auch neu und muss erst mal geklärt werden, wie das chemisch überhaupt funktionieren kann, biosynthetisch.

Es ist aber auch so, dass man natürlich bioinformatischen Tools da eine ganze Menge Unterstützung heute kriegt.

Es ist auch so, dass wir meistens nicht einfach nur irgendeinen faszinierenden Bauplan uns anschauen.

Auch diese Freiheit haben wir zwar als Forscher das mal zu tun, aber letztendlich wollen wir ja Wirkstoffe entdecken.

Und dazu muss dieser Bauplan für uns zumindest hinreichend neu wirken, wenn wir sagen, wir wollen da wirklich Arbeit, Handarbeit reinstecken im Labor.

Manchmal verraten sich interessante Baupläne, aber auch selber.

Denn man muss bedenken, wenn wir Antibiotika suchen und die Produzenten sind selber Bakterien, dann wollen die sich ja nicht selber lähmen durch die Produktion dieser Substanzen.

Das heißt, sie müssen Resistenzmechanismen selber haben.

Und manchmal tun sie uns den Gefallen und kodieren diesen Abwehrmechanismus in der Nähe des Bauplans für den Wirkstoff.

Und in dem Moment haben wir sie natürlich erwischt.

Dann sehen wir im Prinzip, aha, das ist ein Resistenzmechanismus.

Vielleicht ist es auch einer, von dem wir bereits erahnen können, wie er wirkt, oder weil wir solche Beispiele schon mal gesehen haben.

Und dann können wir sagen, gut, jetzt liegt der Gedanke sehr nahe, dass der Bauplan nebendran wahrscheinlich eben auch für eine antibiotisch wirksame Substanz ist.

Und jetzt schauen wir mal, ob wir eben dieses Molekül nicht entlocken können.

Zum Beispiel eben durch die vorhin erwähnte heterologische Expression oder eben wieder durch die Aktivierung des Genclusters im Wirt.

Solche Beispiele haben wir in den letzten Jahren ja auch schon publiziert.

Und nicht immer tut einem dann auch wieder der Naturstoff den Gefallen, genau wie vorhergesagt zu wirken.

Letztendlich ist das praktisch eine Spezialdisziplin des sogenannten Genome Minings, dass man sagt, man schaut auf Resistenzmechanismen und orientiert sich ein bisschen daran.

Letztendlich wollen wir aber auch einfach neue Naturstoffe finden, die von der Natur mit hohem Aufwand im Laufe der Evolution entwickelt wurden in diesen Bakterien.

Und man kann auch sagen, die Minimalhypothese ist, wenn das Bakterium einen hohen Aufwand treibt, um so ein Molekül zu fertigen und an die Umgebung abzugeben, dann hat es davon normalerweise auch was.

Und vielleicht liegt das auch daran, dass die Bio-Assays, die wir machen, uns in erster Instanz nicht verraten, wofür dieser Naturstoff gut sein könnte.

Dann legen wir ihn aber trotzdem in unsere Bibliothek und verschicken ihn an Institute, an Partnerinstitute, die vielleicht Bio-Assays am Laufen haben, die wir hier gar nicht machen.

Zum Beispiel antivirale Screenings machen wir hier am HIBSS eigentlich selber nicht.

Da gibt es Institute, die das sehr gut können und die freuen sich dann über solche Sammlungen von Naturstoffen, screenen die und dann kriegen wir vielleicht die erfreuliche Rückmeldung, dass ein Naturstoff, den wir nur wegen seines neuartigen Bauplans ausgewählt und isoliert hatten, vielleicht jetzt plötzlich eine sehr interessante Wirkung erzielt.

Und auch solche Beispiele hatten wir in den letzten Jahren.

Ich wollte gerade fragen, gibt es Dinge, die Sie entdeckt haben, wo Sie sagen, ha, und da hinten ist es in der Spritze drin oder in der Klinik wird es benutzt?

Ja, also ganz so weit sind wir noch nicht.

Wir haben aber interessante Moleküle entdeckt in den letzten Jahren hier am HIBSS und auch zusammen mit den Partnern am HZI, die durchaus das Zeug haben, in die klinische Entwicklung zu gehen oder soweit auch schon sind.

Ein Molekül, das man nennen könnte, ist das Coranopironin.

Da ist ein Molekül schon ziemlich weit.

Letztendlich ist es halt auch so, dass ja der Weg von dem ersten Hinweis, dass es antibiotisch wirkt, bis zur Anwendung tatsächlich dann noch ein sehr weiter ist.

Sie sind maximal entfernt von der Anwendung, also Grundlagen forschiger geht es kaum noch.

Ja, wobei unser Ziel als Institut schon ist, letztendlich die Daten so weit bereitzustellen und so viel zu testen, dass letztendlich die Moleküle in der Wertungskette weitergegeben werden können und man einen Partner finden kann, der sagt, ja, diese Moleküle liegen jetzt schon so viele Vorarbeiten vor, dass es so aussieht, als ob man das wirklich für einen bestimmten Anwendungszweck entwickeln könnte.

Und das ist ein sehr wichtiger Schritt in der Translation praktisch.

Das ist ja immer dieses Schlagwort "from bench to bedside".

Und da muss man aufpassen, dass es nicht schief geht.

Da ist wichtig, dass praktisch das Funding nicht nur, also die Förderung, die wir erhalten, nicht nur für die Grundlagenwissenschaft gegeben wird, sondern eben auch diese Daten zu erzeugen, die es dann ermöglichen, ein Molekül weiter voranzubringen und in die Anwendung zu bringen.

Und das ist eine Sache, die ein großes Thema ist in den letzten Jahren, dass man praktisch sagt, ja, politisch auch da herangeht und sagt, da sind eine ganze Menge interessante Funde und da werden eine ganze Menge Daten darüber generiert.

Jetzt ist es wichtig, dass die Unterstützung an der Stelle weitergeht, wo es dann vielleicht an einen Partner übergeben wird, der dann vielleicht auch eben kein akademischer Partner mehr ist, sondern ein Industriepartner, der dann bereit ist, die Investitionen zu machen, um dieses Molekül wirklich voranzubringen.

Und diese Translationslücke sozusagen, die zu schließen, das ist ein ganz, ganz wichtiges Anliegen, jetzt mal wissenschaftlich wie auch politisch in der letzten Zeit.

Sie sagten, Sie gehen davon aus, dass es 1000 Spezies von diesen Myxobakterien gibt, 100 würden Sie kennen.

Sterben die aus?

Haben wir alle Zeit der Welt, uns die anzugucken oder müssen wir uns beeilen?

Also wir hoffen sehr, dass sie nicht auf die Schnelle aussterben.

Wir glauben, das werden sie auch nicht, denn sie sind schon sehr, sehr lange auf der Erde, haben offensichtlich auch schon ganz verschiedene Klimazeiträume überstanden, sind sowieso sehr gut darin, sich mit widrigen Umweltbedingungen anzufreunden oder damit zumindest zurecht zu kommen.

Das ist ja auch ein Teil dessen, was die Myxobakterien für Mikrobiologen von Anfang an so interessant gemacht hat, dass sie eben, wenn die Umweltbedingungen sich verschlechtern, nicht einfach eingehen, sondern Mechanismen haben, die den Fortbestand dieser Spezies praktisch sichern, indem sie dann eben diese winzigen Fruchtkörper bauen, in denen Sporen eingelagert werden.

Also das ist ein ganz interessanter Mechanismus, den die Myxobakterien, würde ich mal sagen, sehr ausgiebig nutzen.

Also sie werden nicht auf die Schnelle verschwinden, aber natürlich ist es wichtig, dass wir die Mikrobierder Diversität ausführlich erkunden, die um uns herum hier vorliegt.

Und diese 1000 Spezies sind wahrscheinlich auch eher noch niedrig gegriffen.

Das war eine Schätzung aus einer Publikation, wo letztendlich DNA-Schnipsel einfach mal aus der Umwelt sequenziert wurden und man dann gesagt hat, okay, hier scheinen Hinweise vorzuliegen, dass da mal mindestens 1000 Spezies da sind.

Es könnten problemlos noch viel mehr sein.

Es hätte mich auch tatsächlich gewundert, wenn es nur 1000 gewesen wären, weil das ist ja, wahrscheinlich sind die Mikroben in der Überzahl, oder?

Ja, eigentlich sind die Mikroben die heimlichen Herrscher dieses Planeten, zumindest wenn man ins Erdreich schaut und auch in viele andere natürliche Lebensräume.

Und auch die die unglaubliche Artenvielfalt, die sich dort in Gemeinschaften zusammenfindet, beginnen wir gerade erst zu begreifen.

Also dass in so einem Krümel Erde, wenn man sich den anschaut, sind eben nicht drei oder vier Spezies, die da nebeneinander her oder miteinander leben und interagieren, sondern wir müssen davon ausgehen, dass es Dutzende bis Hunderte sind.

Das zu beforschen, okay, sie gucken sich jetzt eine bestimmte Spezies an die Myxobakterien, aber das zu beforschen ist doch fast unmöglich.

Wenn ich jetzt einen Kubikmeter Garten ausgrabe und ins Labor gebe, da sind doch hunderte Wissenschaftler*innen 100 Jahre mit beschäftigt, oder nicht?

Ja, da könnte man viele Wissenschaftler*innenleben mitfüllen, auf jeden Fall.

Das heißt, wir müssen unsere Herangehensweise auch immer ein bisschen auf unsere Ziele abstimmen, letztendlich, die wir haben.

Also wir müssen praktisch wie so eine Art Filter bauen.

Wir müssen sagen im ersten Durchgang, wie können wir gezielt Bakterien daraus holen, die vielleicht eine hohe Chance für die Entdeckung der Naturstoffe haben.

Wir können aber auch durchaus sagen, wir katalogisieren erstmal, so gut es geht, zum Beispiel indem wir so eine Art genetischen Fingerabdruck aller dieser Organismen nehmen, das wäre dann das Metagenom und schauen in diesen Daten nach, welche Bakterien sollten denn da drin sein und haben wir da vielleicht Spezies drin, bei denen wir erkennen können, das sind Myxobakterien, aber wir haben sie in unserer Absammlung noch gar nicht, vielleicht weil sie auch noch nie jemand im Labor kultiviert hat.

Und probieren dann gezielt diese seltenen und neuen Spezies praktisch aus dieser Probe lebendig rauszukriegen.

Und das ist ein Ansatz, den wir in dem Mikrobelix-Projekt eben auch erproben.

So praktisch überlegen, ja wie können wir diesen ersten Filter, was wir da rausziehen, um es im Labor zu erforschen, wie können wir den praktisch gestalten, so dass uns möglichst wenig verloren geht, dass wir aber nicht für jede Bodenprobe mehrere Wissenschaftler leben rechnen müssen.

Aber letztendlich müssen sie doch, wenn sie katalogisieren wollen, sie müssen doch im Grunde weltweit allen Humus einmal durchsieben.

Das wäre grandios, eine sehr interessante Reise, die wahrscheinlich auch wieder mehr als ein Wissenschaftlerleben dauern würde.

So Reise um die Welt mit tausend Spezies, könnte man sagen.

Ja das können wir natürlich praktikablerweise so nicht tun.

Es ist aber so, dass sich Bakterien ja im Laufe der Evolution, ja hatten die ja sehr viel Zeit sich über den Planeten zu verbreiten.

Das heißt jetzt wiederum nicht, dass wir jedes Bakterium überall finden.

Es sind ja auch biologische Nischen, auf die sich Bakterien angepasst haben.

Das heißt bestimmte Arten findet man vielleicht auch nur in bestimmten Nischen.

Es ist aber zum Glück so, dass viele Arten durchaus auch mit verschiedenen Umgebungen klarkommen können.

Und auch da hatten wir aus dem Projekt Mikrobelix, in dem wir ja Menschen dazu auffordern uns von Stellen, die sie für interessant halten, Bodenproben zu senden.

Da hatten wir schon interessante Einblicke, weil wir auch zum Beispiel die nächsten Verwandten von Bakterien, die wir eigentlich aus einem sehr exotischen Habitat, also Wohnbereich von Bakterien gewissermaßen kannten, dass wir die Verwandten davon praktisch auf einer Schlackenhalde im Saarland plötzlich wiedergefunden haben.

Und das zeigt einem also, und das wollten wir durch dieses Projekt ja anfänglich auch herausfinden, auch das Suchen im eigenen Garten oder vor der eigenen Haustür gewissermaßen macht durchaus noch Sinn.

Nichtsdestotrotz sind wir froh darüber, dass wir in unserer Myxobakterien-Sammlung, die ungefähr 14.000 Stämme derzeit umfasst, die sich über alle bekannten Spezies hinweg verteilen, dass wir in dieser Sammlung quasi auch von Partnern weltweit sehr interessante Proben haben und Bakterien, die aus ganz speziellen Habitaten gefunden wurden, Krater sehen auf den Philippinen, Marine-Biofilme.

Aber wir freuen uns natürlich, dass wir einen Teil dieser Diversität eigentlich auch einfach nur durch genaues Hinschauen in unserer gemäßigten Klimazone hier im Saarland praktisch finden können.

A: Aber wie groß ist der Teil, den Sie da finden können?

Haben Sie zumindest eine Ahnung davon, wie viel Prozent des Möglichen bei Ihnen vor der Haustür zu finden ist?

B: Ja, das ist so eine Abschätzung, die wir wahrscheinlich erst demnächst mal machen können.

Aber wir denken schon, dass wir so mindestens mal für die Hälfte der Spezies auch eine Chance haben, sie hier in der Klimazone im Saarland zu finden.

Wir denken, dass das damit zu tun hat, dass für die Bakterien ja letztendlich der erwähnte Kubikmeter Erde vorhin ja eigentlich eine Galaxie schon ist.

Wir reden ja von Organismen, die sind fünf bis zehn Mikrometer groß, also tausendstel Millimeter.

Und das sind ja Entfernungen, die, also über diese Distanz ist ja nicht so wirklich eine Rückwirkung auf das einzelne Bakterium da, sondern da geht es ja eher darum, wie schlägt es sich in seiner unmittelbaren Umgebung.

Und wir denken, dass diese Mikroumgebungen, also diese Habitate in bakteriengenehmer Größe gewissermaßen eigentlich viel mehr Einfluss darauf

haben, welche Spezies sich da ansiedeln, als jetzt zum Beispiel die Klimazone.

Das stimmt natürlich nicht mehr, wenn man zu extremen Klimazonen geht.

Also wir werden sicherlich am Polarkreis, da wo der Permafrost gerade auftauft, Bakterien finden, die wir jetzt eben so im saarländischen Bergwerk wahrscheinlich nicht haben.

Ja okay, aber ob wir jetzt auf dem Acker gucken oder im Wald ist eher egal?

Ja, da kommt wieder ein anderer Faktor mit rein und zwar wie intakt sind diese mikrobiellen Lebensgemeinschaften gewissermaßen.

Man könnte sagen, wie sehr im Gleichgewicht, aber wir haben ja vorher gehört, der Nachbarschaftsstreit und so weiter.

Also sagen wir mal einfach, wie lebendig und wie vielfältig sind sie.

Und da ist der Waldboden natürlich schon ziemlich weit vorne.

Der Acker möglicherweise ein bisschen eingeschränkt dadurch, dass dort ja auch gedüngt wird, bestimmte Pflanzen angebaut werden.

Also es gibt schon Gründe anzunehmen, dass Ackerboden eine andere mikrobielle Lebensgemeinschaft hat als jetzt so ein frischer Humuswaldboden oder so ein bisschen Matsch von einem Sumpfgebiet.

Man rannte von so naturbelassenen Tümpel.

Das sind aber Einblicke, die wir wahrscheinlich auch erst in den nächsten Jahren finden werden, indem wir uns Bodenproben aus einer Vielzahl von Umgebungen anschauen.

Was ja auch zum Mikroblicksprojekt gehört, weil das ja eigentlich ein

Bürgerwissenschaftenprojekt, also ein Citizen Science Projekt.

Ich kann mitmachen und kann Ihnen Dreck aus dem Garten meiner Eltern schicken, wo ich gerade zu Besuch bin.

Richtig, genau.

Wollen Sie denn auch den Dreck aus dem Garten meiner Eltern haben?

Ach, den möchten wir eigentlich schon ganz gern haben.

Es wäre nur wichtig, und da kommt dieser bürgerwissenschaftliche Aspekt jetzt auch mit ins Spiel, dass man praktisch vorher ein bisschen analysiert, wie ist denn die Struktur dieses Gartens.

Also ist das eher ein naturbelassener Garten?

Hat der vielleicht einen Tümpel?

Hat der einen Komposthaufen, der schon viele, viele Jahre in Benutzung ist?

Oder gibt es einen Abschnitt, wo der feine englische Rasen dann eben doch mal synthetisch gedüngt wird und das Schneckenkorn nicht weit ist?

Dann muss man sagen, sind für uns natürlich die naturbelassenen Stellen oder die etwas wilderen Stellen von höherem Interesse.

Durchaus auch die Schichten des Komposthaufens, wo die Humusbildung schon einsetzt.

Da haben wir durchaus auch Hinweise, dass Myxobakterien dort ganz entscheidend beteiligt sind und sich dort gerne ansiedeln.

Und deswegen können solche Proben durchaus sehr interessant sein.

Wir haben in der Datenbank nicht wenige Bakterien, also es sind nicht nur Einzelfälle, die tatsächlich aus sowas wie einem Komposthaufen isoliert wurden.

Das kommt durchaus vor.

Wichtig ist uns eben, und deswegen heißt das Projekt jetzt auch "Mikrobelix" und nicht mehr "Sample das Saarland".

Ursprünglich hatten wir ja tatsächlich gesagt, wir hätten gerne Bodenproben spenden und zwar so viele verschiedene wie möglich.

Und zunächst mal ist eigentlich egal, woher.

Wir wollen einfach mal schauen, was wir so finden.

Und jetzt in der Fortsetzung des Projektes möchten wir die Menschen eigentlich ein bisschen mehr einbinden.

Das heißt, wir hoffen uns, dass sie unser Anliegen verstehen, es auch ein bisschen zu ihrem eigenen machen und dann anfangen, Biodiversitätsdetektive zu werden.

Das heißt, sich zu überlegen auf einer Wanderung, welches Biotop oder welches Habitat, das ich hier gerade sehe, könnte vielleicht ganz interessant sein und hat vielleicht eine besondere Lebendigkeit, wo viele verschiedene Organismen und auch Mikroorganismen ihren Platz drin haben könnten.

Und das ist praktisch so ein aktiver Überlegen, so ein aktives Überlegen mit einsetzen.

Dass ich nicht einfach nur überall ein bisschen Dreck zusammenkratze, sondern mir vielleicht vorher mal Gedanken mache, wo es sich wirklich lohnt.

Genau, das ist so die Idee und dabei eben auch praktisch ein Biodiversitätsdenken nicht nur über der Erde, sondern auch unter der Erde zu etablieren.

Dass man eben versteht, genauso vielfältig wie die natürliche Lebenswelt über der Erde geht es eigentlich unter der Erde weiter, nur bleibt es uns an Blicken eben normalerweise verborgen, wenn man eben nicht mit sehr gutem Mikroskop oder gleich mit einem Genomsequenziergerät unterwegs ist beim Wandern.

Aber woran erkenne ich ein Stück Boden, in dem ich eine höhere Artenvielfalt vermuten kann?

Klar, Komposthaufen, da geht es ja um Artenvielfalt, die sich da gegenseitig verzehrt.

Aber wenn ich jetzt einfach so irgendwie mit dem Hund übers Feld laufe, woran erkenne ich einen guten Boden in ihrem Sinne?

Ja, das ist gar nicht so einfach, denn natürlich leben sehr viele Bakterien an wirklich sehr vielen Stellen.

Sagen wir mal, wenn ich mit dem Hund jetzt übers Feld laufe, dann wäre der erste Ansatzpunkt sich schon zu überlegen, wie oft laufen Hunde über dieses Feld?

Wie oft laufen Hunde mit Hundebesitzern über diesen Weg?

Und vielleicht ist dann der Ort, wo das Mikrobiom, so nennt man ja die Lebensgemeinschaft im Boden, in diesem Fall das Bodenmikrobiom, noch etwas naturbelassener ist, der befindet sich dann vielleicht eher ein paar Meter entfernt unter irgendeinem dichten Gebüsch oder eben nah am Ufer eines kleinen Baches oder sowas.

Oder auch in einem Baumbestand, wo verschiedenste Bäume durcheinander

sind, der Boden vielleicht auch ein bisschen mit Moosen und Pflanzen bewachsen ist.

Also halt nicht so der sandige Trampelpfad.

Das wäre so der erste optische Indikator.

Und dann könnte man sich als nächstes eben überlegen, wie häufig werden hier wahrscheinlich Organismen von Menschen oder Tieren eingetragen?

Das ist auch ein spannendes Thema an sich, aber nicht ganz unser Lieblingsthema.

Und dann kann man sich ja so ein bisschen überlegen, wo stelle ich mir so eine Lebensgemeinschaft im Boden jetzt gerade als sehr lebendig vor?

Und natürlich kommen sehr viele Stellen in Frage.

Letztendlich haben wir ja aus den ersten 700 Bodenproben, die wir im Vorgängerprojekt "Sample das Saarland" erhalten hatten, haben wir am Ende über 1000 verschiedene Myxobakterien isoliert.

Das heißt, wir finden im Durchschnitt mehr als ein neues Bakterium pro Bodentrobe.

"Neu" heißt in dem Sinne, es ist nicht identisch mit einem, das wir schon in unserer Sammlung haben.

Der Verwandtschaftsgrad kann durchaus sehr variieren.

Normal findet man nur einen weiteren "Nur", das ist in Anführungszeichen wieder zu sehen, nur einen weiteren Stamm einer schon existierenden Spezies.

Der kann dann immer noch andere Baupläne haben als der Nachbarstamm für

Naturstoffe.

Also eventuell auch nicht langweilig.

Allerdings haben wir durch unsere eigenen Untersuchungen auch gesehen, dass die Chance neue Naturstoffe zu finden schon sehr steigt, wenn die neu isolierten Bakterien weniger verwandt sind mit denen, die wir schon kennen.

Also wenn praktisch der verwandtschaftliche Abstand größer wird, dann steigt auch die chemische Diversität.

Und das ist ja letztendlich das, was wir eben in unseren ganzen Entdeckungsworkflow einbringen, die natürliche Diversität der Chemie, der Mikroorganismen.

A: Wenn ich jetzt mitmachen will, ist es ja wahrscheinlich nicht schlau beim nächsten Besuch bei meinen Eltern in den Garten zu rennen, einfach mal den Komposthaufen, weiß ich nicht, einen Spatenstich da rein zu machen und ihnen das per Post zu schicken.

Gibt es da irgendwie eine Anleitung ihrerseits, wie ich Bodenproben richtig nehme und sowas?

B: Ja, also einen Spaten voll brauchen wir zum Glück in der Regel gar nicht.

Man muss bedenken, mit diesem Spaten würde man schon wieder eine ganze Mikroorganismengalaxie da rausstechen.

Wir haben tatsächlich ein Proben-Name-Kit entwickelt, das wir auch per Post versenden.

Und darin ist einfaches Werkzeug für die Proben-Name enthalten, zum Beispiel steril verpackte Löffel.

Denn wir hatten ja vorhin gesagt, wir wollen genetische Fingerabdrücke von Mikroorganismen nehmen, nicht von den Proben-Sammlern.

Das heißt, die steril verpackten Löffel sind eine wichtige Sache.

Da liegen Handschuhe dabei, da liegt auch eine kleine Lupe dabei.

Wenn man möchte, kann man dann so ein bisschen makroskopisch die Zusammensetzung von dem, was man da gerade sammelt, vorher mal betrachten.

Und dann liegen da noch Plastiktütchen dabei mit Barcodes drauf.

Das heißt, diese Proben sind dann in unserer Datenbank auf einfache Weise registrierbar.

Und die gängige Vorgehensweise wäre jetzt tatsächlich einfach nur mit diesem sterilen Löffel, ihn möglichst aus der Verpackung zu entnehmen, ohne dass man ihn mit den Fingern berührt am vorderen Ende.

Und dann letztendlich einige Löffel voll von dieser Bodenprobe abzufüllen in ein Tütchen und das zu verschließen.

Also das ist im Prinzip der Vorgang.

Und das kriegen Proben-Sammler, die nicht von uns persönlich trainiert wurden, fast genauso gut hin wie wir selber.

Also da haben wir bisher keine Nachteile bei den Proben, die die Bürger uns senden, feststellen können.

Und man darf auch durchaus kreativ sein, wo man die Probe nimmt.

Also eine Schicht im Komposthaufen ist gut.

Aber welche Schicht?

Also grabe ich tiefer in den Komposthaufen rein oder reicht es, wenn ich das am Rand mache?

Ja, also da fachlich gesprochen hat natürlich das Mikrobiom einen enormen Gradienten über den Komposthaufen hinweg.

Das heißt, wir werden verschiedene mikrobielle Lebensgemeinschaften an verschiedenen Stellen finden.

Bei Myxobakterien muss man jetzt wissen, sie zerlegen gerne biologische Makromoleküle und tragen damit ja auch zur Humusbildung bei.

Sind aber im Prinzip schon sauerstoffliebende Organismen.

Also sie brauchen nicht unglaublich viel Sauerstoff, aber es sind eben keine anaeroben Bakterien.

Das heißt in der Mitte, wo es schön warm im Komposthaufen ist, werde ich keine finden?

Da sind wahrscheinlich andere Bakterien dominant oder oder falls es Schichten gibt, die vielleicht so ein bisschen einen Fäulnis Eindruck erwecken, falls es die geben sollte.

Also generell sind das schon eher Schichten, die noch gut belüftet sind, wo aber die Humusbildung erkennbar bereits einsetzt.

Ich denke, da würde man mit Sicherheit Myxobakterien vorfinden.

Und wenn ich jetzt draußen auf dem Feld oder im Wald unterwegs bin, wie tief gehe ich da in den Boden?

Das muss eigentlich gar nicht sehr tief sein.

Also auch da denken wir, dass die die oberen Erdschichten so unter der Grasnarbe oder so wahrscheinlich ein sehr guter Anhaltspunkt sind.

Also es tut keine Not, umfangreichere Grabungen durchzuführen.

Und natürlich muss man auch bedenken, wenn man zum Beispiel durch ein Naturschutzgebiet läuft, dort soll man ja eigentlich gar keine Eingriffe vornehmen.

Das heißt eine sehr vorsichtige Probennahme von kleinen Mengen an Stellen, wo man nicht eine Lebensumgebung anderer Organismen, zum Beispiel von seltenen Pflanzen, dann dadurch zerstört.

Also eine eine vorsichtige Probennahme ist natürlich schon das, worauf das hinausläuft.

Wie viel Mitspieler und Mitspielerinnen wollen sie denn haben?

Ja, auch das ist eine sehr gute Frage.

Aber irgendwann wird es teuer, oder?

Letztendlich wollen wir natürlich eigentlich so viel wir nur können irgendwie im Labor untersuchen.

Das ist auch eigentlich eher die Zeit, die Arbeitszeit als die Materialkosten.

Wir hatten in dem Vorgängerprojekt von Mikrobelix, damals unter dem Namen Sempel das Saarland, über 700 Mitmachende, die uns ein bis drei Bodenproben geschickt haben.

Da hatten wir schon eine ganze Menge mit zu tun.

Und dabei haben wir ja damals auch noch gar keine genetischen Daten produziert.

Jetzt in dem Mikrobelix-Projekt haben wir gesagt, dass wir, um diese neuen Methoden auch zu etablieren und auszutesten, auch zunächst mal vor allem wieder im Saarland Werbung machen wollen.

Das kommt aber gleich mit dem ganz großen Sternchen und dem kleinen gedruckten.

Natürlich nehmen wir gerne Bodenproben deutschlandweit von überall.

Nur jetzt während der Etablierungsphase haben wir eben gesagt, probieren wir nochmal ganz verstärkt hier im Saarland Werbung zu machen und Leute ins Projekt zu bringen, mit dem Ziel dann zu schauen, wie das läuft und dann die ganzen Methoden praktisch auch dauerhaft und auf noch größerer Skala zur Anwendung zu bringen.

Also wir haben bereits jetzt viele hundert neue Interessenten, was nicht zuletzt auch dadurch kam, dass wir durch den Citizen Science Wettbewerb auf die Plätze Citizen Science in deiner Stadt ja natürlich auch nochmal eine gute Öffentlichkeitswirkung hatten.

Das heißt, wir gucken im Moment, wie wir das logistisch hinkriegen.

Also die ganzen Proben-Sammelkits werden wir jetzt im Frühjahr verschicken und überarbeiten auch nochmal das Informationsmaterial.

Und die Idee ist dann im Prinzip schon, dass wir davon ausgehen in den nächsten zwölf Monaten uns wahrscheinlich schon um tausend Proben kümmern zu müssen.

Was heißt müssen, wollen wir ja.

Das heißt, wer immer das hier hört, ist also eingeladen sich zu melden.

Ja natürlich, klar.

Wir sind da auch gerade dabei auf der digitalen Seite nochmal aufzurüsten.

Das heißt von der sehr einfachen Webseite der Anfangszeit wollen wir im Laufe des Jahres zu einer echten App umsteigen und im Prinzip das Projekt dann auch digital so umstricken, dass der Kontakt mit den Bürgerwissenschaftlern dann auch viel intensiver ausfällt.

Das heißt, dass wir im Prinzip wie so eine Art digitalen, naja nicht ganz live, aber schnellen Einblick in das, was wir im Labor gefunden haben, dann auch ermöglichen, indem wir praktisch in ein Ergebnisportal dann die Ergebnisse zurückspiegeln, was wir aus den Proben finden.

Das ist für uns auch mal was Neues.

Also unser Labor ist zwar, denken wir mal durch unsere Publikationen und was wir so in der Presseveröffentlichung einigermaßen transparent, was wir hier tun.

Aber das ist nochmal eine neue Ebene von Einblick in die Forschungsarbeit.

Im Prinzip schaut ein bisschen wie uns digital über die Schulter gucken.

Das ist das, womit wir eigentlich, wo wir hin möchten mit diesem Mikrobelix Projekt.

Also ein Teil des Projekts ist diesen Bakterienfilter zu erfinden eigentlich.

Wie würde der funktionieren?

Also wie geht das technisch?

Genau, Bakterienfalle nennen wir es.

Falle.

Richtig.

Ob es am Ende vielleicht so eine Art Filter wird, wissen wir noch nicht.

Also tatsächlich möchten wir in dem Mikrobelix Projekt tatsächlich auch die Beteiligung der Bürgerwissenschaftler über die Probennahme hinaus ausweiten.

Nicht nur durch das Teilen der Ergebnisse, sondern auch durch kreative Ansätze.

Denn zum Beispiel ist ja die Probennahme erstmal einfach nur der Naturzustand.

Ich löfle einfach da rein, was ich an der Stelle finde.

Jetzt könnte man ja auch sagen, es ist so ein wissenschaftlicher Grundsatz, dass man sagt, der Beobachter soll nicht eingreifen.

Aber wir könnten ja auch mal hingehen und sagen, jetzt...

Bei Mikroben mal eine Ausnahme.

Genau, wir machen für die Mikroben mal eine Ausnahme.

Oder vielleicht haben die das besonders gerne, wenn wir sie durch irgendwas locken.

Oder vielleicht können wir besondere Arten von Myxobakterien auf bestimmte Weise anlocken und dadurch die Wahrscheinlichkeit erhöhen, dass wir sie nachher in unserer Probe auch lebendig rauskriegen im Labor.

Und das ist etwas, was wir so als Idee noch nicht wirklich verwirklicht haben bisher und was wir gerne mit den Bürgerwissenschaftlern zusammen tun möchten.

Das heißt, wir hatten da auch schon mal ein erstes Treffen, wo wir ein bisschen Brainstorming betrieben haben.

Wie kann denn eine Bakterienfalle aussehen?

Was muss sie für Bedingungen erfüllen?

Was können wir uns vorstellen?

Und da kamen schon ganz interessante Ideen.

Das werden wir auf jeden Fall weiter betreiben.

Also der nächste Bakterienfallen-Workshop wird dieses Frühjahr stattfinden.

Und letztendlich wollen wir natürlich ja keine aufwendigen Apparate jetzt irgendwo im Naturschutzgebiet vergraben.

Sondern wir stellen uns einfache, günstig herstellbare Konstruktionen vor, die aufgrund der Ideen, wie sie wirken, die Wahrscheinlichkeit erhöhen, dass sich bestimmte Arten von Bakterien vielleicht darin finden.

Oder einfach, dass die Lebensgemeinschaft der Umgebung praktisch zum Teil dahin einwandert und wir dann leichteres Spiel haben, lebendige Bakterien daraus zu kriegen.

Und das ist tatsächlich eine physische Falle.

Also praktisch ein Kasten, der da steht, da ist irgendwas drin und da kommen

dann aus der Umgebung die Bakterien.

Ja, so was hätten wir sehr gerne.

Und ich denke, das ist auch nicht ganz abwegig, denn man kann Myxobakterien zum Beispiel regelrecht locken.

Ich hatte ja vorhin schon erwähnt, dass sie in der Lage sind, über Oberflächen zu gleiten, auch in der Erde durchaus mobil sind und sich aktiv fortbewegen.

Und ja, fachlich gesehen könnte man sagen, Myxobakterien folgen auch chemischen Gradienten.

Das heißt, sie können Spuren lesen, sie können Witterung aufnehmen und wir können sie regelrecht locken, zum Beispiel eben durch Beutemikroorganismen.

Und dahin gehen auch tatsächlich einige der Ideen, die die Leute uns vorgestellt haben.

Nachdem wir berichtet haben, wie wir im Labor so mit ihnen umgehen, ist die Idee durchaus da, durch irgendetwas anderes, Lebendiges oder Organisches, als Lockstoff, praktisch Myxobakterien, bevorzugt in einen bestimmten Ort zu locken und sie dann praktisch mit der Bakterienfalle aus der Erde zu entnehmen.

Wir sind mal sehr gespannt, was dabei rauskommen wird.

Also wir wollen das auf jeden Fall wissenschaftlich rausfinden, ob uns das was bringt.

Wann werden wir das wissen?

Ich denke, da werden wir die ersten Erfolgsmeldungen kaum in weniger als einem Jahr erwarten können.

Aber es ist auf jeden Fall Bestandteil von unserer Mikrobelix-Kampagne 2024.

Und wir wollen da durchaus auch so einen kleinen Wettbewerb draus machen, dass wir dann also die Bakterienfallendesigns der Bürgerwissenschaftler, die erfolgreich waren, dann auch vorstellen.

Und ja, wer weiß, vielleicht entwickelt sich daraus mit Beteiligung von Bürgerwissenschaftlern eine neue mikrobiologische Methode.

Das würde uns natürlich sehr freuen.

Aber es ist natürlich ein Projekt, ein wissenschaftliches Entwicklungsprojekt, wo man erstmal probiert und vielleicht funktionieren da manche Sachen besser als andere.

Und am Ende werden wir dann zu einer Idee kommen, wie das vielleicht auch funktionieren könnte.

Wer weiß, vielleicht wird 2025 eine Bakterienfalle, designt von einem Bürgerwissenschaftler, in unseren kleinen blauen Schachteln an hunderte von Probennehmern verschickt.

Das ist nämlich auch das Schöne an so einer bürgerwissenschaftlichen Kampagne.

Wir wollen das eben nicht nur zum Mal eben mitmachen und dann nie wieder sich drum kümmern machen, sondern wir hoffen uns auch so eine Art Probensammler-Community zu etablieren.

Wo man dann auch diskutieren kann, was ist denn das Ziel der nächsten Kampagne?

Zum Beispiel finden wir bestimmte Myxobakterien nur in ganz bestimmten Habitaten.

Sind die aber dafür ganz besonders wertvoll für uns, diese Bakterien, diese Spezies?

Dann könnte man durchaus auch sagen, man legt jetzt mal den Fokus auf ein bestimmtes Habitat im Folgejahr.

Praktisch auch wieder ein Feedback-Loop, dass man sagt, man entscheidet sich als Gruppe, welche Schritte man als nächste gehen möchte.

Das sind alles so Aspekte, die die Zusammenarbeit mit den Bürgerwissenschaftlern eben sehr spannend machen für uns als Forscher.

Und das ist jetzt für mich als Laie, der da teilnehmen will, ist das auch gar nicht so aufwendig, weil ich muss ja nur mal eben an den Komposthaufen und euch so ein Tütchen schicken.

Richtig, genau.

Der Aufwand ist zunächst mal nicht sehr hoch.

Also das ist, denke ich, auch ein großer Vorteil, den unsere Aktion hat, dass zunächst mal die Motivation eigentlich vor allem ausreicht.

Also man muss keine speziellen, unglaublich komplizierten Fertigkeiten erwerben dafür.

Wenn ich dann irgendwie ein ganz besonderes Bakterium da ausgebuddelt habe, wird das dann nach mir benannt?

Ja, warum eigentlich nicht?

Also letztendlich ist es so, dass wir natürlich Bürgerwissenschaftler, aus deren Proben wir neue Bakterien finden, sehr gerne bei der Namensgebung beteiligen

möchten.

Man muss da natürlich bedenken, Speziesnamen müssen korrektes Latein sein.

Da fängt es bei mir schon an, schwierig zu werden.

Ich hatte das in der Schule nicht.

Holgeri kann man ja übersehen.

Schleimiges Dingsbums Holgeri.

Mixoquakus Holgeri ist nicht ganz abwegig, wenn man mal schaut, was so für Speziesnamen in den Datenbanken sind.

Jetzt nicht nur bei Bakterien, auch bei anderen Lebewesen.

Das ist ja manchmal schon zum Schmunzeln.

Und das ist überhaupt nicht ausgeschlossen.

Im Gegenteil, das ist etwas, was wir auf jeden Fall machen möchten.

Dafür ist natürlich umso wichtiger, dass wir halt eben auch wirklich in Kontakt mit den Bürgerwissenschaftlern bleiben.

Wir hatten zum Beispiel bei Sempel das Saarland auch anonyme Bodenproben spenden "erlaubt".

Davon haben auch einige Leute Gebrauch gemacht und uns zum Beispiel am Park der offenen Tür eine Stunde später nach einem schönen Spaziergang über den Hügel hier auf dem Unicampus eine Bodenprobe dargelassen.

Sich allerdings halt digital eben nicht registriert, weil wir auch absichtlich gesagt

haben, das soll freiwillig sein.

Dann haben wir zwei Jahre später aus dieser Bodenprobe vom Schwarzenberg ein neues Myxobakterium gefunden.

Das ist jetzt tatsächlich eines, das wirklich nur ein MCY irgendeine Nummer Namen hat.

Und zwar aus dem traurigen Grund, dass wir nicht wissen, wer der Bodenproben Spender war und ihn jetzt leider nicht fragen können, wie er denn sein Bakterium benennen möchte.

Also da kamen sehr interessante Substanzen raus, die Thiamyxine, das ist eine schöne Veröffentlichung gewesen Ende 2022.

Antivirale Substanzen tatsächlich und die sind letztendlich aus einem Saarland Myxobakterium und wir können jetzt leider den Spender nicht mehr fragen, wie er es denn gerne nennen würde.

Ja, da wir einfach die Kontaktdaten nicht haben.

Also falls sich unter den Hörern jemand befindet, der beim Tag der offenen Tür in den Vorjahren uns Proben vom Schwarzenberg hier in Saarbrücken gebracht hat, vielleicht einfach nochmal bei uns melden.

Melde dich, dein Bakterium kriegt einen Namen.

Daniel Krog, vielen Dank!

Ja, das hat mich sehr gefreut.

Wir sind gespannt, was die Proben-Sammelsaison 2024, die ja demnächst mit dem Ende des Winters erst so richtig in Gang kommt, für uns an Überraschungen bereit hält.

Und wir haben absolut die Absicht, mehr darüber zu berichten als bisher.

Also von Myxobakterien wird man aus vielerlei Gründen eher mehr als weniger in Zukunft noch hören.

Und nochmal Daniel Krog, vielen Dank!

Ich danke.