

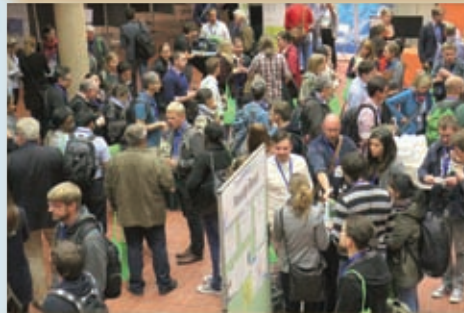
ProkaGENOMICS 2015

Von Gasfermentation bis hin zu Krankenhauskeimen

■ Bei schönstem Herbstwetter fand vom 29. September bis 2. Oktober die ProkaGENOMICS 2015 – 6th European Conference on Prokaryotic and Fungal Genomics an der Göttinger Universität statt. Knapp 300 Teilnehmer aus mehr als 30 Ländern kamen zur diesjährigen Veranstaltung, die erstmals vom Norddeutschen Zentrum für Mikrobielle Genomforschung (NZMG; www.nzmg.de) ausgerichtet wurde. In den 54 Vorträgen und 135 Posterpräsentationen zeigte sich die enorme Bandbreite wissenschaftlicher Fragestellungen, die mit *microbial functional genomics* adressiert wird. Die Bioökonomie ist einer dieser Bereiche, in denen die Omics-Revolution Früchte zeigt. So referierte Peter Dürre (Universität Ulm) in seinem exzellenten Eröffnungsvortrag über Gasfermentation durch autotrophe Acetogene zur Produktion von Industriechemikalien – eine Technologie, die beispielsweise in China bereits den Durchbruch in die Anwendung geschafft hat.

Lignocellulose gilt als eine Schlüsselkomponente für biobasierte Produkte. Louise Glass (University of California, Berkeley) stellte in ihrem spannenden Vortrag einen systembiologischen Ansatz zur Modellierung des Abbaus pflanzlicher Biomasse durch den Fadenpilz *Neurospora crassa* vor. Ziel ist die rationale Entwicklung hypersekretierender Stämme zur besseren Nutzung von Lignocellulose, beispielsweise für die Produktion von Biokraftstoffen.

Einen breiten Raum auf der Tagung nahmen Vorträge zu pathogenen Mikroorganismen ein. *Clostridium difficile* zählt zurzeit zu den wichtigsten Krankenhauskeimen und wird dort als Verursacher lebensbedrohlicher Durchfallerkrankungen zunehmend zum Problem. Dieter Jahn (TU Braunschweig) stellte die ersten Ergebnisse des internationalen Teams vor, das im Rahmen des NZMG an der Aufklärung der Pathogenitätsmechanismen und Epidemiologie dieses Bakteriums forscht.



Fotos: Ehrenreich, Conventus

Einen Einblick in die vielversprechenden Möglichkeiten der Synthetischen Biologie gab Kristala Prather (MIT, Cambridge). Sie zeigte, wie ein synthetisch entworfener Biosyntheseweg für Glucarsäure durch sequenzbasierte Vorhersagen und die Analyse von *protein similarity networks* erfolgreich implementiert und optimiert werden konnte.

Die rasante Entwicklung der Omics-Technologien zusammen mit der Verbesserung der bioinformatischen Datenanalyse ermöglicht in vielen Bereichen ganz neue Einblicke und Fragestellungen. Ganz besonders gilt dies für Biodiversitätsstudien, wo immer verlässlichere Analysen der Community-Zusammensetzung und auch funktionelle Vorhersagen möglich sind, wie eine Vielzahl von Vorträ-

gen und Postern in Göttingen zeigte. Aber auch genomweite Regulationsstudien und Proteomanalysen erlauben ganz neue Einblicke in zelluläre Vorgänge mit bahnbrechenden Erkenntnissen, wie beispielsweise die Funktion der intergenen Regionen, die zwar als non-coding RNAs bezeichnet werden, aber überaus wichtige regulatorische Funktionen ausüben. Michael Galperin (NCBI, Maryland) formulierte es so: „*Nothing is waste*“ in einem über Jahrmillionen evolvierten Genom. ■

Petra Ehrenreich, Göttingen
pehrenr@gwdg.de

www.VAAM.de

Schauen Sie doch mal rein!

