

Press release**Friedrich-Schiller-Universität Jena****Alena Gold**

01/31/2024

<http://idw-online.de/en/news827858>Research results, Scientific Publications
Biology
transregional, national**Zeitreise durch die Genomik**

Viren passen sich schnell an neue Bedingungen an, was mit einer Veränderung ihres Genoms einhergeht. Das gilt auch für eine spezielle Gruppe von Viren, den Bakteriophagen. Ein Forschungsteam aus Polen, den Niederlanden und Deutschland hat nun erfolgreich zahlreiche alte Phagen-Genome rekonstruiert. Darunter ein rund 1.300 Jahre altes Genom, das eine sehr hohe Ähnlichkeit zu dem modernen, Darmbakterien befallenden „Mshuvirus mshu“ aufweist. Das widerspricht der verbreiteten Annahme einer generell hohen Mutationsrate bei Viren und erweitert somit das Verständnis für deren Evolution. Die Ergebnisse haben die Forschenden im Fachjournal „Nature Communications“ veröffentlicht.

Eine bislang weitestgehend unerforschte Quelle für mikrobielle Vielfalt sind Jahrhunderte bis Jahrtausende alte Proben aus dem menschlichen Darm und des Stuhls. Mithilfe von modernen wissenschaftlichen Methoden, wie der Metagenom-Sequenzierung, konnten Forschende in der Vergangenheit bereits die DNA von Bakterien rekonstruieren. Diese geben Aufschluss über die Beschaffenheit des menschlichen Darmmikrobioms aus dem vorindustriellen Zeitalter.

„Wir wollten diese bereits vorhandene Datenbank auf Überreste von Bakteriophagen, also bakterienbefallende Viren, untersuchen“, sagt Piotr Rozwalak, Erstautor einer neuen Studie und Doktorand in der Gruppe rund um den „Balance of the Microverse“-Professor Bas Dutilh an der Friedrich-Schiller-Universität Jena. Bakteriophagen sind interessant, weil sie beispielsweise beeinflussen, wie schädlich ein Bakterium ist. Wie die Forschenden in der Studie berichten, gelang es ihnen, eine Vielzahl von prähistorischen Phagen-Genomen zu identifizieren und zu rekonstruieren.

„Bakteriophagen befinden sich in einem ständigen Aufrüstungswettbewerb mit ihren Wirten, also den Bakterien. Deshalb verändern sie sich ständig. Umso ungewöhnlicher ist, dass wir auf ein Phagen-genom gestoßen sind, das mit dem des gegenwärtigen Mshuvirus mshu beinahe identisch ist“, sagt Rozwalak. Das Phagen-genom stammt aus einer 1.300 Jahre alten Stuhlprobe aus Mexiko, während aktuelle Nachweise des Mshuvirus mshu ihren Ursprung in Abwasserproben aus Frankreich haben. Dabei stimmen die DNA-Sequenzen in den beiden Proben laut der Forschenden zu 97,7 % überein. „Wahrscheinlich ermöglicht die Tatsache, dass der Bakteriophage in das bakterielle Genom eingebaut ist, eine lange und stabile Beziehung zwischen ihnen, ohne das traditionelle Wettrüsten, das für Viren und ihre Wirte typisch ist“, so Rozwalak. Dies könnte erklären, warum es bei diesem speziellen Phagen in den letzten 1.300 Jahren keine nennenswerte Evolution gegeben zu haben scheint.

„Diese Entdeckung beweist nicht nur, dass es möglich ist, alte Phagen-Genome zu rekonstruieren. Vielmehr zeigt sie, dass noch viel Wissen über die Vielfalt und Evolution von Viren im Dunkeln schlummert“, sagt Rozwalak. Diese virale Diversität zu katalogisieren und damit weiterer Forschung zugänglich zu machen, ist eines der nächsten Ziele der Forschenden.

contact for scientific information:

Piotr Rozwalak
Institut für Biodiversität der Friedrich-Schiller-Universität Jena
Rosalind-Franklin-Straße 1

07745 Jena
Tel.: 03641 / 949790
E-Mail: piotr.rozwalak@uni-jena.de

Original publication:

Rozwalak, P., Barylski, J., Wijesekara, Y. et al.: Ultraconserved bacteriophage genome sequence identified in 1300-year-old human palaeofaeces. *Nat Commun* 15, 495 (2024). <https://doi.org/10.1038/s41467-023-44370-0>



Rund 2.000 Jahre alter menschlicher Stuhl.
C. Warinner/Z. Fagernäs



Piotr Rozwalak hat prähistorische Stuhlproben auf Phagen-Genome untersucht. Seine Ergebnisse veröffentlichte er gemeinsam mit weiteren Wissenschaftlern im renommierten Fachjournal Nature Communications.
(Foto: Adrian Wykrota)