

## Viruswelten und die Evolution der Zelle

**Jenaer Max-Planck Forscher finden im Genom einer Braunalge Abschnitte viralen Erbgutes. Die Hypothese eines schon in der frühen Evolution erfolgten Austausches von Nukleinsäuren zwischen DNA-Viren und Ur-Zellen wird dadurch erneut erhärtet.**

Ein Blick in vergangene Viruswelten ist Nicolas Delaroque und Wilhelm Boland aus dem Max-Planck-Institut für chemische Ökologie in Jena gelungen. Sie haben herausgefunden, dass sich im Genom der braunen Meeresalge *Ectocarpus siliculosus* komplette Abschnitte viralen Erbgutes befinden. Die Sequenz der DNA-Abschnitte zeigt Ähnlichkeiten zum Genom des *Ectocarpus-siliculosus*-Virus-1 (EsV-1), einem rezenten Virus, das Braunalgen infiziert und zur Familie der „nukleocytoplasmatischen großen DNA-Viren“ (NCLDV) gehört. Die sich im Algen-genom befindende Virus-DNA ist interessanterweise durchsetzt von Gensequenzen anderer NCLD-Viren. Diese kodieren Enzyme zur DNA Replikation, Transposition und Integration, also Werkzeuge, die Viren benutzen, um in das Genom ihrer Wirte einzudringen oder wieder zu verlassen. Wahrscheinlich ermöglicht ein als horizontaler Gentransfer bezeichneter Vorgang die Neukombination bestimmter DNA-Abschnitte. Die Viren dienen dabei als Vehikel für die Erbgutabschnitte und stellen einen Motor der Evolution dar. Das Projekt wurde mit Mitteln der Europäischen Gemeinschaft (Verbundprojekt Marine Genomics Europe) gefördert. (BMC Evolutionary Biology, April 2008)

### Geschäftsführender Direktor

Prof. Jonathan Gershenzon  
Tel.: +49 (0)3641 – 57 1301  
gershenzon@ice.mpg.de

### Forschungskoordination

Dr. Jan-W. Kellmann  
Tel.: +49 (0)3641 – 57 1000  
Mobil: 0160 - 1622377  
jkellmann@ice.mpg.de

### Presse

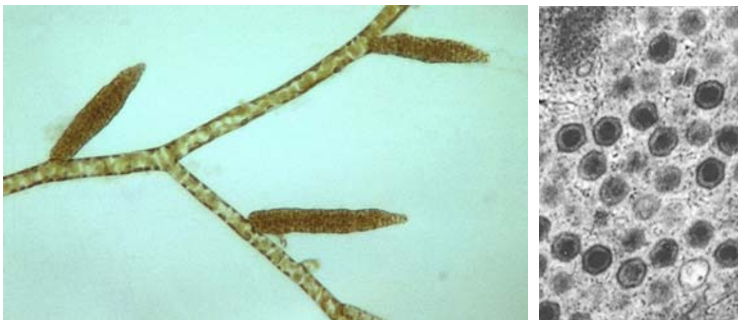
Angela Overmeyer M.A.  
Tel.: +49 (0)3641 – 57 2110  
FAX: +49 (0)3641 – 57 1002  
overmeyer@ice.mpg.de

### Anschrift

Beutenberg Campus  
Hans-Knöll-Straße 8  
07745 Jena

### Internet

[www.ice.mpg.de](http://www.ice.mpg.de)



Die Braunalge *Ectocarpus siliculosus* (links); elektronenmikroskopische Aufnahme von reifen EsV-1 Viruspartikeln (rechts).

Bilder: Max-Planck-Institut für chemische Ökologie/Delaroque

**Bilder in höherer Auflösung auf Anfrage!**

Viren aus der Gruppe der „nukleocytoplasmatischen großen DNA-Viren“ (NCLDV), zu der EsV-1 gehört, besitzen ein für Viren außergewöhnlich großes Genom (bis zu 1,2 Mio. Basenpaare im Falle der Mimiviren, die erst 1992 entdeckt wurden). Auch die Pockenviren gehören zu dieser Gruppe. Das EsV-1 Genom, das von Nicolas Delaroque und Kollegen vollständig kloniert und sequenziert wurde, umfasst 335593 Basenpaare.

Frühere Studien wiesen darauf hin, dass Virus-Genom im Wirts-Genom der Braunalge *Ectocarpus siliculosus* integriert vorliegt. Eine detaillierte Untersuchung sollte nachfolgend zeigen, an welcher Position sich die Virus-DNA in den Chromosomen der Alge befindet. Dazu wurde eine Genbank aus der Algen-DNA hergestellt, und mit Hilfe von EsV-1 DNA-Sonden wurden 200 verschiedene, je etwa 35000 Basenpaare große Abschnitte aus der Genbank isoliert und sequenziert. Die Sequenzierung ergab, dass auf diesen Genomabschnitten tatsächlich der genetische Informationsfluss der Braunalge von Kopien viraler DNA unterbrochen war, die große Ähnlichkeit mit Genomabschnitten von EsV-1 zeigten. Diese „virusinfizierten“ Genomabschnitte der Alge, so zeigte sich jedoch, sind aber auch noch durchsetzt von DNA-Bereichen, auf denen sich virustypische Gene für Erbgut-Replikation, Integration und Transposition befinden – diese jedoch sind gar nicht im EsV-1 Genom vorhanden. Allerdings: Sie finden sich in ganz anderen Viren aus der Gruppe der NCLD-Viren wieder, beispielsweise in den Mimiviren, wie der darauf folgende bioinformatische Abgleich mit öffentlich zugänglichen Gendatenbanken zeigte. „Dieses Ergebnis bedeutet, dass das Genom von *Ectocarpus siliculosus* Überbleibsel des Genoms entweder eines großen, ursprünglichen DNA-Virus oder vielleicht eines ganz ursprünglichen Einzellers trägt, welcher der Vorfahre der heutigen NCLD-Viren gewesen sein könnte“, so Wilhelm Boland, Direktor der Abteilung Bioorganische Chemie.

Stichwort Viren:

Viren sind, biologisch definiert, keine Lebewesen – sie betreiben keinen Stoffwechsel und können sich nur innerhalb ihrer Wirtszellen vervielfältigen. Viren stellen damit nichts anderes dar als mobile genetische Elemente, denn sie bestehen im Wesentlichen aus mehr oder weniger langen Nukleinsäuren, die in eine feste Proteinhülle eingepackt sind (Nukleocapside). Manche, besonders tier- und humanpathogene Virustypen, sind zusätzlich mit einer Membranhülle umgeben. Sobald ein Virus in einen Wirt gelangt (Bakterium, Tier, Mensch, Pflanze, Alge), interagiert das virale Genom mit den wirtseigenen Gen-Replikations- und Gen-Expressionssystemen. Dieses Wechselspiel ist, je nach Virustyp und Wirtsart, unterschiedlich. Beispielsweise vervielfältigen manche Viren ihr Genom mit Hilfe von Enzymen, deren genetische Information auf dem Virusgenom vorhanden ist, andere wiederum sind von den Enzymen abhängig, die nur der Wirtsorganismus zur Verfügung stellt. [JWK]

### **Originalveröffentlichung**

N. Delaroque, W. Boland: The genome of the brown alga *Ectocarpus siliculosus* contains a series of viral DNA pieces, suggesting an ancient association with large dsDNA viruses.

BioMed Central - Evolutionary Biology 2008, 8:110

doi: 10.1186/1471-2148-8-110

### **Weitere Informationen:**

Dr. Nicolas Delaroque, Max-Planck-Institut für chemische Ökologie, Jena,  
Tel. +49 3641 57-1212, [ndelaroque@ice.mpg.de](mailto:ndelaroque@ice.mpg.de)

Prof. Dr. Wilhelm Boland, Max-Planck-Institut für chemische Ökologie, Jena,  
Tel. +49 3641 57-1200, [boland@ice.mpg.de](mailto:boland@ice.mpg.de)

### **Bildmaterial:**

Angela Overmeyer M.A., Max-Planck-Institut für chemische Ökologie, Jena,  
Tel.: +49 3641 57-2110, [overmeyer@ice.mpg.de](mailto:overmeyer@ice.mpg.de)