



Bakterien in Seen kämpfen gegen den Klimawandel

20. August 2024 | Fanni Aspetsberger, Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie
Themen: Klimawandel & Energie | Ökosysteme

Methanoxidierende Bakterien könnten eine grössere Rolle als vermutet dabei spielen, dass klimaschädliches Methan nicht aus Seen freigesetzt wird. Das berichten Forschende des Max-Planck-Instituts für Marine Mikrobiologie in Bremen und der Eawag und zeigen zudem, wer dahintersteckt und wie das funktioniert.

Methan ist ein starkes Treibhausgas, das vielerorts im Meer und in Süssgewässern entsteht. Vor allem Seen setzen grosse Mengen des klimaschädlichen Gases frei. Zum Glück gibt es aber Mikroorganismen, die dagegenhalten: Sie sind imstande, Methan für ihr Wachstum und zur Energiegewinnung zu nutzen und so zu verhindern, dass es in die Atmosphäre gelangt. Diese Mikroorganismen, Methanotrophe genannt, gelten daher als wichtiger „biologischer Methanfilter“.

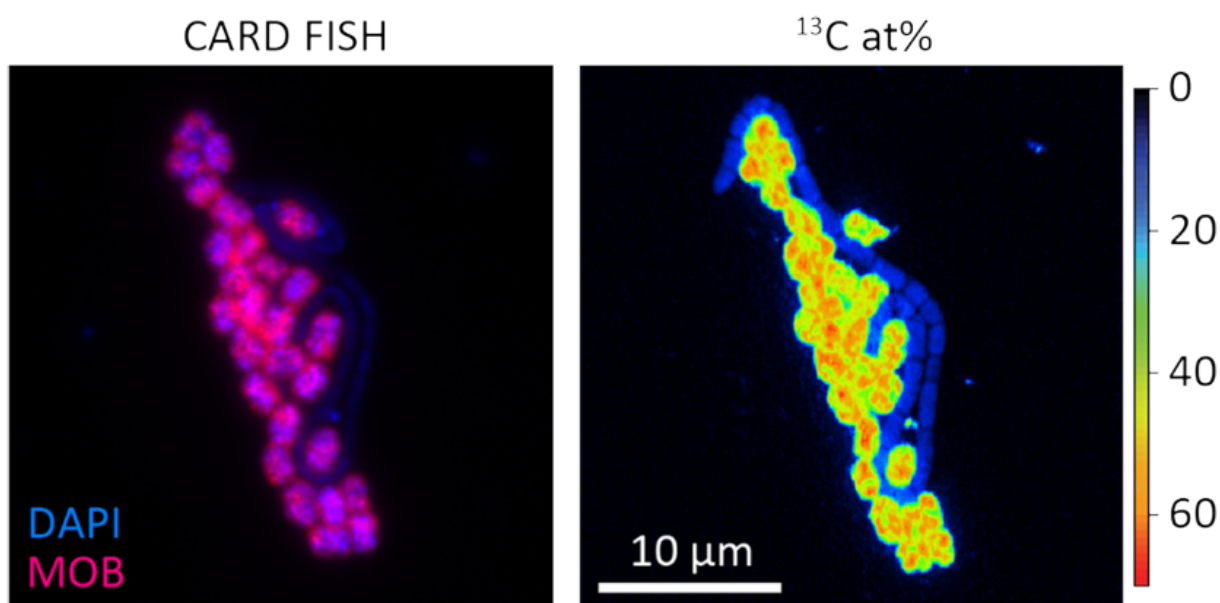
Die Methanotrophen umfassen verschiedene Gruppen von Mikroorganismen, viele Fragen über deren Lebensweise sind noch nicht beantwortet. Eine Studie von Forschenden des Max-Planck-Instituts für Marine Mikrobiologie in Bremen und des Wasserforschungsinstituts Eawag, die nun im Fachmagazin Nature Communications erschienen ist, zeigt die erstaunlichen Fähigkeiten einiger dieser Organismen und ihre bislang übersehene Rolle für unser Klima.

Aerobe Mikroorganismen in sauerstofffreien Gewässern

Für ihre Untersuchung reisten die Forschenden um Sina Schorn und Jana Milucka vom Bremer Max-Planck-Institut in die Schweiz zum Zugersee. Dieser See ist fast 200 Meter tief und ab einer Tiefe von etwa 120 Metern dauerhaft sauerstofffrei. Trotzdem findet man in diesem sauerstofffreien Wasser sogenannte aerobe methanoxidierende Bakterien (kurz MOB), die, wie ihr Name schon sagt, eigentlich

auf Sauerstoff angewiesen sind. Ob und wie sie in dem sauerstofffreien Wasser Methan abbauen können, war bis heute unklar.

Das Team um Schorn und Milucka wollte daher einen genaueren Blick auf die Aktivität dieser Mikroorganismen werfen. Sie nutzten für ihre Studie Methanmoleküle (CH₄), die mit „schweren“ Kohlenstoffatomen (¹³C statt ¹²C) markiert wurden. Dieses ¹³C-markierte CH₄ wurde Proben mit Seewasser samt den darin lebenden Mikroorganismen zugesetzt und anschliessend der Weg des enthaltenen schweren Kohlenstoffs in einzelnen Zellen mit Hilfe spezieller Instrumente (des sogenannten NanoSIMS) verfolgt. So konnten die Forschenden dabei zusehen, wie die Bakterien das Methan zur Energiegewinnung in das weniger klimaschädliche Kohlendioxid umwandeln. Ein Teil des Kohlenstoffs wurde auch direkt in die Bakterienzellen eingebaut. Daraus war ersichtlich, welche Zellen in der Bakteriengemeinschaft aktiv waren und welche nicht. Mittels moderner Methoden namens Metagenomik und Metatranskriptomik untersuchten sie zudem, welche Stoffwechselwege die Bakterien dabei benutzten.



Links: Mikroskopische Visualisierung von MOB (pink) und anderer Mikroorganismen (blau) aus dem Zugersee mittels fluoreszierender Sonden. Rechts: Visualisierung schwerer Kohlenstoffatome (¹³C) in der Biomasse der MOB als Zeichen von deren Aktivität mittels NanoSIMS. Je wärmer die Farbe, desto mehr ¹³C wurde in die Bakterienzellen aufgenommen und desto aktiver waren sie (© Sina Schorn/Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie).

Nur eine bakterielle Gruppe ist ohne Sauerstoff aktiv

„Unsere Ergebnisse zeigen, dass aerobe MOB auch in sauerstofffreiem Wasser dauerhaft aktiv sind“, sagt Sina Schorn, die mittlerweile an der Universität Göteborg forscht. „Allerdings traf das nur auf eine bestimmte Gruppe der MOB zu, gut zu erkennen an ihrer markanten länglichen Zellform. Zu unserer Überraschung waren diese Zellen unter oxischen und anoxischen Bedingungen – also mit und ohne Sauerstoff – gleichermassen aktiv. Wenn wir also in anoxischen Gewässern geringere Raten der Methanoxidation messen, liegt das vermutlich daran, dass es dort weniger dieser besonderen stäbchenförmigen Zellen gibt und nicht etwa an einer geringeren Aktivität der Bakterien.“

Metabolische Anpassungsfähigkeit gegen Methanfreisetzung

Eine weitere Überraschung erlebten die Max-Planck-Forschenden, als sie sich die Stoffwechselfähigkeiten dieser Bakteriengruppe genauer ansahen. „Anhand der vorhandenen Gene konnten wir erkennen, wie die Bakterien reagieren, wenn der Sauerstoff knapp wird“, erklärt Jana Milucka, die am Bremer Max-Planck-Institut die Forschungsgruppe Treibhausgase leitet. „Dabei fanden wir Gene, die für eine spezielle Methan-basierte Fermentation genutzt werden.“ Während dieser Prozess in MOB im Labor schon nachgewiesen worden war, wurde er in der Umwelt noch nicht untersucht. Ausserdem entdeckten die Forschenden auch einige Gene für die Denitrifizierung, mittels derer die Bakterien wohl Nitrat statt Sauerstoff zur Energiegewinnung nutzen können.

Insbesondere die Fermentation ist dabei spannend. „Wenn die MOB auch Fermentation betreiben, setzen sie vermutlich Substanzen frei, die andere Bakterien nutzen und in ihre Zellen einbauen können. So wird der enthaltene Kohlenstoff, der ursprünglich aus dem klimaschädlichen Methan stammt, noch länger im See zurückgehalten und gelangt nicht in die Atmosphäre. Das ist eine bisher nicht berücksichtigte Senke für Methankohlenstoff in anoxischen Lebensräumen, die wir in unsere Berechnungen zukünftig mit einbeziehen müssen“, so Milucka.

Bedeutende Reduzierung der Methanfreisetzung, heute und in Zukunft

Die Bremer Forschenden erklären hiermit, wer Methan in sauerstofffreien Lebensräumen abbaut und wie dieser Abbau vonstatten geht. Sie zeigen, dass methanoxidierende Bakterien überraschend wichtig dafür sind, dass aus diesen Lebensräumen weniger Methan in die Atmosphäre entkommt.

„Methan ist ein starkes Treibhausgas, das für etwa ein Drittel des derzeitigen globalen Temperaturanstiegs verantwortlich ist“, erläutert Schorn die Bedeutung der nun vorliegenden Ergebnisse. „Die Methanoxidation durch Mikroorganismen ist die einzige biologische Senke für Methan. Ihre Aktivität ist daher entscheidend für die Kontrolle der Methanemissionen in die Atmosphäre und damit für die Regulierung des globalen Klimas. Angesichts der derzeitigen und vorhergesagten Zunahme von anoxischen Bedingungen in Seen der gemässigten Regionen ist zu erwarten, dass die Bedeutung der MOB für den Methanabbau in Seen noch zunehmen wird. Unsere Ergebnisse deuten darauf hin, dass die MOB in Zukunft einen bedeutenden Beitrag zur Minderung von Treibhausgasemissionen und zur Kohlenstoffspeicherung leisten werden.“

Titelbild: Probennahme vor dem malerischen Bergpanorama des Zugersees (Fotos: Sina Schorn, Juliane Schötz, Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie).

Originalveröffentlichung

Schorn, S.; Graf, J. S.; Littmann, S.; Hach, P. F.; Lavik, G.; Speth, D. R.; Schubert, C. J.; Kuypers, M. M. M.; Milucka, J. (2024) Persistent activity of aerobic methane-oxidizing bacteria in anoxic lake waters due to metabolic versatility, *Nature Communications*, 15(1), 5293 (14 pp.), [doi:10.1038/s41467-024-49602-5](https://doi.org/10.1038/s41467-024-49602-5), [Institutional Repository](#)

Beteiligte Institutionen

Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie, Bremen, Deutschland Eawag, Kastanienbaum, Schweiz

Kontakt



Carsten Schubert

Tel. +41 58 765 2195

carsten.schubert@eawag.ch



Bärbel Zierl

Wissenschaftsredaktorin

Tel. +41 58 765 6840

baerbel.zierl@eawag.ch

Kontakt extern

Sina Schorn

Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie,
Bremen

sina.schorn@gu.se

Jana Milucka

Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie,
Bremen

jmilucka@mpi-bremen.de

<https://www.eawag.ch/de/info/portal/aktuelles/news/bakterien-in-seen-kaempfen-gegen-den-klimawandel>