

Genaueres Bild von mikrobiellen Gemeinschaften: Analyse-Tool „Metax“ identifiziert einzelne Arten treffsicher

HZI-Team entwickelt ein computergestütztes Verfahren zur genauen Identifizierung und Bestandsabschätzung von Mikroorganismen

Bei akut lebensbedrohlichen Infektionen kann die schnelle Charakterisierung der Mikroorganismen in einer Probe entscheidend für die Diagnose und erfolgreiche Behandlung sein. Computergestützte Werkzeuge, die als taxonomische Profiler bezeichnet werden, können diese Aufgabe übernehmen. Dazu vergleichen sie die sequenzierten Metagenomdaten aus der zu untersuchenden Probe mit Referenzgenomdaten einzelner Mikroorganismen. Das Metagenom umfasst die Erbinformationen aller Mikroorganismen in einer bestimmten Umgebung, während das Genom die gesamte Erbinformation eines einzelnen Organismus bezeichnet. In der Praxis ist der Einsatz taxonomischer Profiler dadurch begrenzt, dass bisherige Verfahren noch nicht präzise genug arbeiten. Ein Forschungsteam des Helmholtz-Zentrums für Infektionsforschung (HZI) hat nun einen neuartigen taxonomischen Profiler namens „Metax“ entwickelt. Durch die Auswertung, wie sich die Sequenzierungsdaten über mikrobielle Referenzgenome verteilen, kann Metax echte mikrobielle Signale zuverlässiger von Artefakten unterscheiden und sowohl die enthaltenen Arten als auch deren Häufigkeit genauer bestimmen. Die Studie ist im Fachmagazin *Cell* erschienen.

„In klinischen Proben kann taxonomisches Profiling beispielsweise wichtige Informationen über Mikroorganismen liefern, die für eine Infektion von Bedeutung sein könnten“, erklärt Prof. Alice McHardy, Leiterin der Forschungsgruppe „Bioinformatik in der Infektionsforschung“ am HZI. „Taxonomische Profiler können die gängigen Diagnoseverfahren ergänzen und so dabei helfen, potenzielle Krankheitserreger genauer zu untersuchen. Zudem ist ihre Anwendung auch über den klinischen Bereich hinaus von Bedeutung, etwa in der Erforschung des menschlichen Mikrobioms oder in der Umweltforschung.“

Beim taxonomischen Profiling werden die Sequenzierungsdaten der zu untersuchenden Probe mit frei zugänglichen Genomdatenbanken abgeglichen, die die Erbinformationen bekannter Mikroorganismen abbilden. Allerdings birgt dieses Verfahren verschiedene mögliche Fehlerquellen, die zu falsch-positiven Ergebnissen führen können. So können verschiedene Arten von Mikroorganismen sehr ähnliche DNA-Sequenzen besitzen, möglich sind auch Fehler in den hinterlegten Genomdatensätzen. Weiterhin kann es bei der Probenvorbereitung im Labor zu Verunreinigungen mit mikrobieller DNA kommen, die in den verwendeten Laborreagenzien enthalten ist. Im Ergebnis können diese Fehlerquellen dazu führen, dass Mikroorganismen als in der Probe enthalten angezeigt werden, die jedoch gar nicht enthalten sind.

„Für ein verlässliches Ergebnis ist es wichtig zu wissen, an welchen Stellen des Genoms Übereinstimmungen ermittelt wurden“, sagt Dr. Zhi-Luo Deng, Wissenschaftler in der Forschungsgruppe von Alice McHardy und Erstautor der Studie. „Wenn ein Mikroorganismus tatsächlich in der Probe enthalten ist, sollte es über das Genom verteilt an mehreren Stellen Übereinstimmungen geben. Falsch-positive Signale sind im Gegensatz dazu häufig nur auf einen oder wenige Bereiche beschränkt.“

Basierend auf diesem Gedanken entwickelte das Forschungsteam den neuartigen taxonomischen

Profiler Metax. Er funktioniert auf Basis eines speziellen Algorithmus, mit dem es gelingt, die in den Proben enthaltenen Mikroorganismen treffsicherer aufzuspüren als dies mit bisherigen Profilern möglich war. Denn Metax bezieht die Verteilung der genetischen Übereinstimmungen über das Genom eines Mikroorganismus mit ein. Durch die zusätzliche Information kann Metax verlässlicher als andere Profiler zwischen tatsächlich in der Probe enthaltenen Mikroorganismen und falsch-positiven Ergebnissen unterscheiden. Damit liefert Metax ein vollständigeres Bild der mikrobiellen Gemeinschaft in einer Probe und kann genauer abschätzen, wie häufig die verschiedenen Mikroorganismen vorkommen.

Metax kann ein breites Spektrum an Mikroorganismen analysieren, darunter Bakterien, Archaeen, Pilze und andere eukaryotische Mikroorganismen sowie Viren. Um zu prüfen, wie treffsicher Metax tatsächlich arbeitet, haben die Forschenden ihren Profiler bereits bekannte genetische Sequenzdaten analysieren und auch gegen andere taxonomische Profiler antreten lassen. „Die Analyse mit Metax war tatsächlich überraschend genau und treffsicher. Unser Profiler lieferte aussagekräftigere Ergebnisse als andere Profiler“, sagt McHardy. „Selbst bei kleinen Proben, die nur wenig genetisches Material enthalten, liefert Metax ausgezeichnete Analyseergebnisse – qualitativ wie auch quantitativ. Mit Metax kann also besser die mikrobielle Nadel im Heuhaufen gefunden werden.“

Zu wissen, welche Mikroorganismen in einer Probe enthalten sind und zu welchem Anteil, ist in vielen Bereichen wichtig. Verlässliches taxonomisches Profiling kann bei der Charakterisierung des menschlichen Mikrobioms helfen, die Zusammensetzung mikrobieller Gemeinschaften und ihre damit verbundenen Auswirkungen auf Gesundheit und Krankheit aufzudecken sowie potenzielle Biomarker auszumachen. Bei der Abwasserüberwachung kann es helfen, zirkulierende Krankheitserreger zu verfolgen und frühzeitig vor Ausbrüchen zu warnen, die sonst möglicherweise unbemerkt blieben. Auch in der Umweltforschung wäre ein Einsatz denkbar, um Bakteriengemeinschaften und ihre Interaktionen untereinander sowie mit ihren jeweiligen Lebensräumen besser zu verstehen. Präziseres taxonomisches Profiling, wie dies jetzt mit Metax möglich ist, könnte künftig in der klinischen Praxis dabei helfen, potenzielle Krankheitserreger verlässlich aufzuspüren, insbesondere in Proben, die nur wenig mikrobielles Material enthalten.

In weiterführenden Forschungsarbeiten möchte das Team um McHardy den Profiler Metax weiter optimieren und sein Potenzial für die Mikrobiomforschung und klinische Untersuchungen umfassend evaluieren. Die Forschungsgruppe „Bioinformatik in der Infektionsforschung“ hat ihren Sitz am Braunschweig Integrated Centre of Systems Biology (BRICS), einem gemeinsamen Forschungszentrum des HZI und der Technischen Universität Braunschweig. Alice McHardy ist zudem Wissenschaftlerin im Deutschen Zentrum für Infektionsforschung (DZIF) sowie im Exzellenzcluster RESIST.

Metax ist für Forschungszwecke frei verfügbar (Link: <https://github.com/hzi-bifo/Metax>).

Text: Nicole Silbermann

Originalpublikation:

Zhi-Luo Deng, Nasim Safaei, Alice Carolyn McHardy: Metax enables accurate cross-domain taxonomic profiling of metagenomes. *Cell* (2026); DOI: [10.1016/j.cell.2026.08.024](https://doi.org/10.1016/j.cell.2026.08.024)

Diese Pressemitteilung finden Sie auch auf unserer Webseite unter <https://www.helmholtz-hzi.de/media-center/newsroom/news-detailseite/genaueseres-bild-von-mikrobiellen-gemeinschaften-analyse-tool-metax-identifiziert-einzelne-arten-treffsicher>.

Das Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung:

Wissenschaftler:innen am Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung (HZI) untersuchen in Braunschweig und an anderen Standorten in Deutschland bakterielle und virale Infektionen sowie die Abwehrmechanismen des Körpers. Sie verfügen über fundiertes Fachwissen in der Naturstoffforschung und deren Nutzung als wertvolle Quelle für neuartige Antiinfektiva. Als Mitglied der Helmholtz-Gemeinschaft und des Deutschen Zentrums für Infektionsforschung (DZIF) betreibt das HZI translationale Forschung, um die Grundlagen für die Entwicklung neuartiger Therapien und Impfstoffe gegen Infektionskrankheiten zu schaffen. www.helmholtz-hzi.de