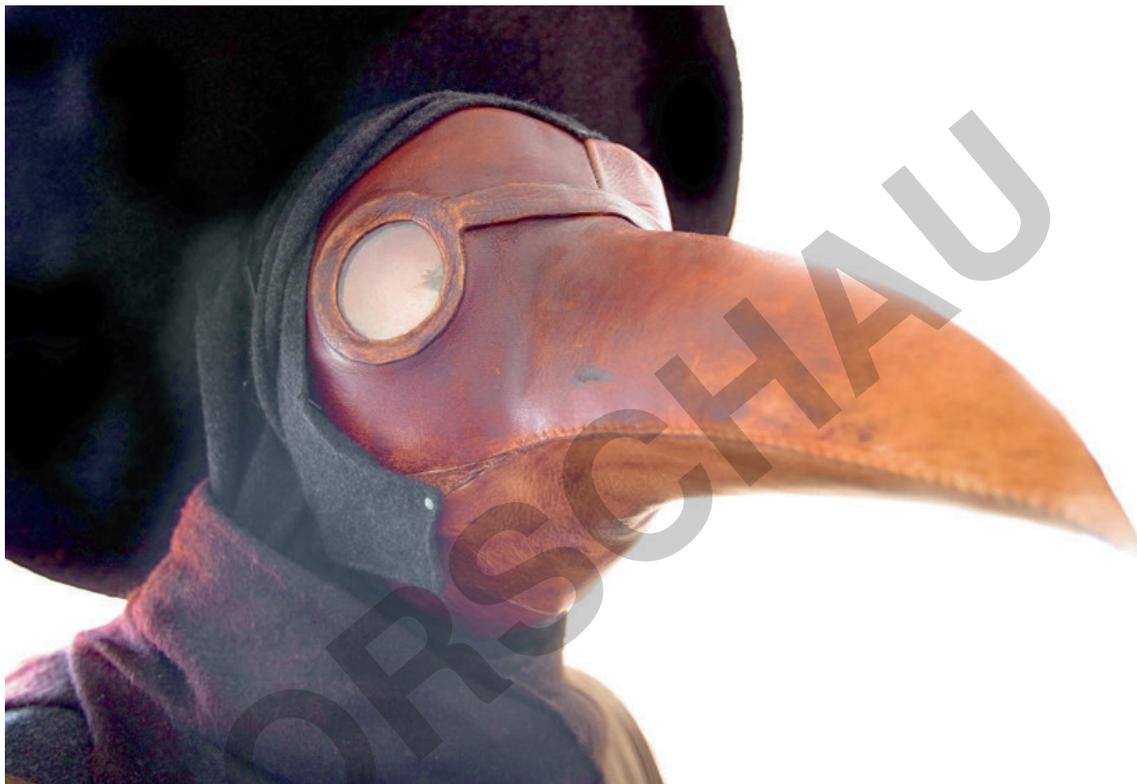


Die Pest – molekulargenetische Anpassungen eines todbringenden Bakteriums

von Sabrina Berghof und Dr. Monika Pohlmann

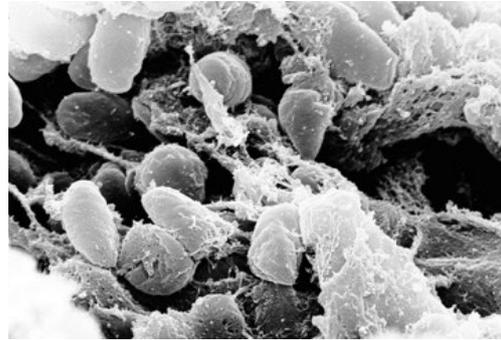


© Getty Images/E+/ManuelVelasco

Die Pest ist bis heute die größte Pandemie der Weltgeschichte. In nur fünf Jahren, zwischen 1348 und 1353, starben 25 Millionen Menschen an dieser Seuche. Damit fielen ihr ein Drittel der Europäer zum Opfer. Die Bezeichnung „Schwarzer Tod“ wurde im Mittelalter noch nicht verwendet, sondern stammt aus dem 16. Jahrhundert. Damit wurde bildhaft das Schrecken-erregende dieser Krankheit zum Ausdruck gebracht. Die Bezeichnung „Schwarzer Tod“ wird aber auch den Nekrosen zugeschrieben, schmerzhaften Pestbeulen, um die sich die Haut schwarz verfärbt und abstirbt, vor allem an Fingern, Zehen und Nase. Wissenschaftlich war es bisher umstritten, ob das Bakterium *Yersinia pestis* die Seuche des Mittelalters auslöste. Eine aktuelle genetische Analyse von Skeletten mittelalterlicher Pestopfer belegt die Präsenz des Pestbakteriums. Diese Leistungsaufgabe fokussiert die Evolution des Pesterregers und seine Übertragungswege auf der Basis molekulargenetischer Befunde.

M 1 Die Evolution des Pesterregers

Das Bakterium *Yersinia pestis* ist der Erreger der Pest. Die erste große Pandemie breitete sich ab dem Jahr 541 nach Christus aus. Der sogenannten „Justinianischen Pest“ fielen in der Spätantike etwa 100 Millionen Menschen zum Opfer. 800 Jahre später konnte sich der Erreger erneut in Europa ausbreiten und tötete allein in den Jahren 1347 bis



Wikimedia, gemeinfrei

Yersinia pestis

1351 mindestens 25 Millionen Menschen. Man bezeichnet krankheitserregende Mikroorganismen als pathogen. Das Reservoir von *Yersinia pestis* bilden hauptsächlich Nagetiere, z. B. Ratten oder Mäuse (Bluttemperatur 37 °C–39 °C). Die Übertragung erfolgt durch Vektoren, durch blutsaugende Parasiten, wie Flöhe oder Zecken (Bluttemperatur 26 °C), welche die Erreger bei der Blutmahlzeit an infizierten Tieren aufnehmen. Die Bakterien vermehren sich in den Parasiten und werden von diesen auf den Menschen (Bluttemperatur 37 °C) übertragen. Eine Infektion ist auch durch den direkten Kontakt mit infizierten Nagetieren möglich. Am Infektionsort, dem Flohbiss, kommt es zum Primäreffekt, einer Bildung von Bläschen oder Pusteln. Dort entwickelt sich nach wenigen Tagen eine Pestbeule. Über die Lymphbahn gelangen die Erreger in die Lymphknoten. Dort werden sie von weißen Blutzellen phagozytiert und vermehren sich daraufhin innerhalb dieser Zellen. Bei einem Befall der Blutbahn kann es zu einer Blutvergiftung, einer Pestsepsis, kommen.

Das Pestbakterium ist erst im Laufe seiner Entwicklungsgeschichte zu einem tödlichen Krankheitserreger des Menschen geworden. *Yersinia pestis* ist vor 20.000 Jahren aus dem nahe verwandten, aber weniger gefährlichen Bakterium *Yersinia pseudotuberculosis* hervorgegangen. Neben der chromosomalen DNA besitzt das Pestbakterium auch Plasmide. Plasmide sind ringförmige, extrachromosomale, doppelsträngige DNA-Moleküle, die als eigenständige genetische Einheit repliziert werden können. Drei verschiedene Plasmide und ein chromosomales Gen stellen genetische Anpassungen von *Y. pestis* an seinen Lebenszyklus in Nagetieren, Flöhen und Menschen dar. Das Vorkommen dieses Erbmateriale in *Y. pseudotuberculosis* und *Y. pestis* ist in Tabelle 1 vergleichend dargestellt. Die aktuelle Forschung konnte belegen, dass das Pestbakterium Plasmide von anderen prokaryontischen Zellen durch Konjugation erhielt.

M 2 Die bakterielle Kapsel Fra 1

Auf dem Plasmid pFra des Bakteriums *Y. pestis* befindet sich unter anderem das Gen für die Ausbildung einer Kapsel, Fraktion-1-Antigen oder kurz Fra 1. Fresszellen, die als Teil des eukaryonten Immunsystems aktiv werden, erkennen Bakterien oder Viren und phagozytieren sie. Die Kapsel von *Y. pestis* verhindert die Phagozytose durch Fresszellen und damit den eukaryontischen Abwehrmechanismus. Eine Fluoreszenzmikroskopie dieses Antigens kann auch zur Pest-Diagnose bei Patienten verwendet werden.

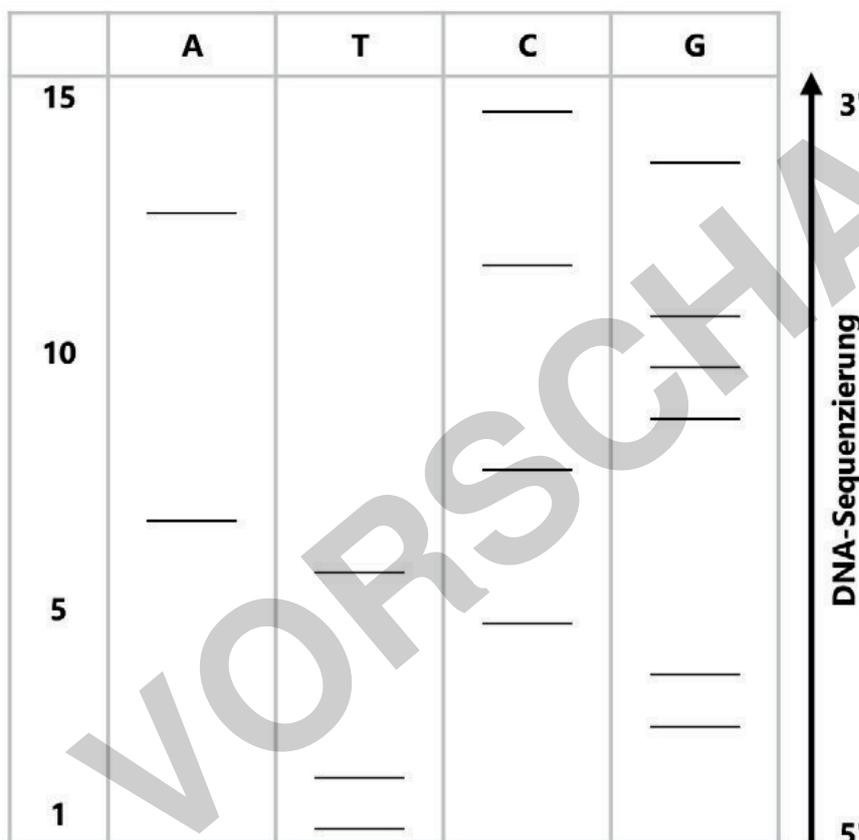
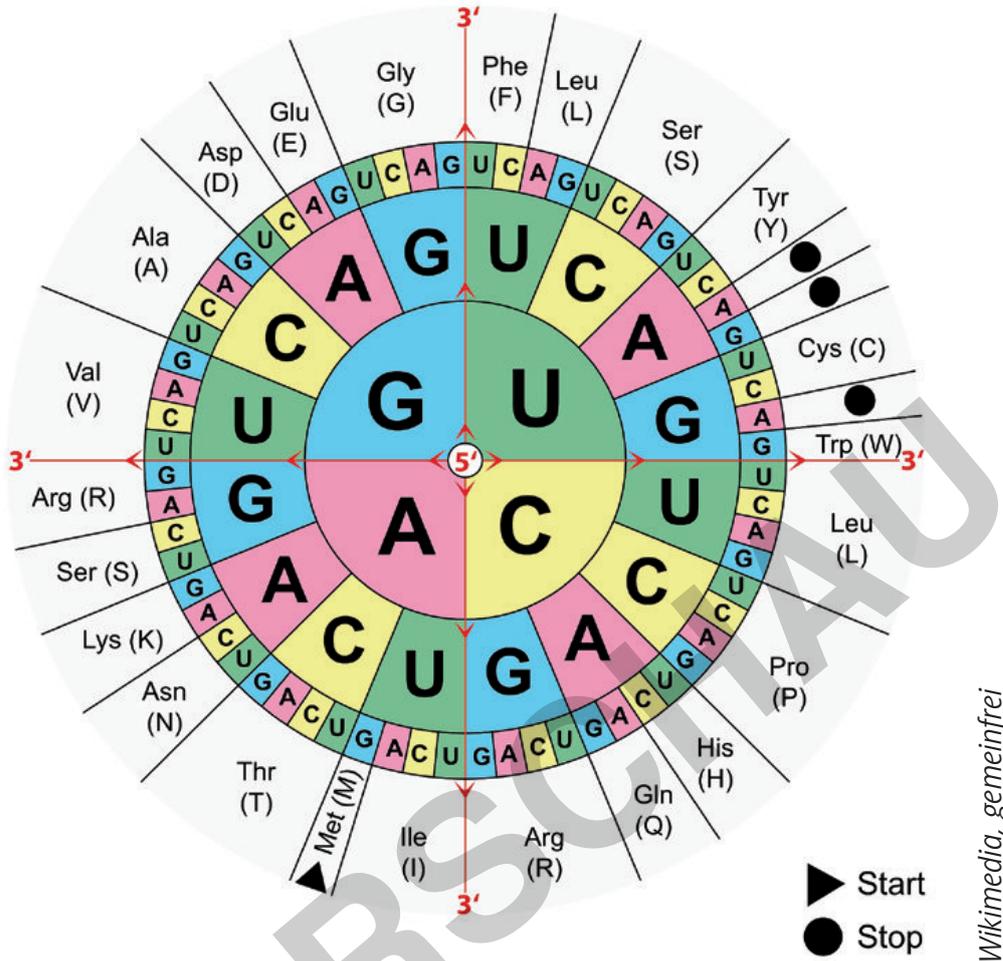


Abb. 3: Sanger-Sequenzierung der letzten fünf Aminosäuren des Fraktion-1-Antigens von *Y. pestis*.

M 3 Die Code-Sonne



Wikimedia, gemeinfrei

© RAABE 2020

Abb. 6: Code-Sonne

Ala	Alanin
Arg	Arginin
Asn	Asparagin
Asp	Asparaginsäure
Cys	Cystein
Gln	Glutamin
Glu	Glutaminsäure
Gly	Glycin
His	Histidin
Ile	Isoleucin

Leu	Leucin
Lys	Lysin
Met	Methionin
Phe	Phenylalanin
Pro	Prolin
Ser	Serin
Thr	Threonin
Trp	Tryptophan
Tyr	Tyrosin
Val	Valin