

Das Spezies-Problem

Wenn sich Bakterien, wie dies lange vermutet wurde, ausschließlich klonal vermehren, gäbe es kaum einen Grund Isolate zu erwarten, die eine eigene Art darstellen. Solch eine Überlegung konnte bei *Salmonella* angewendet werden. Salmonellen verbreiten sich klonal und besiedeln gleichzeitig verschiedene Wirte, obgleich die inhärenten Schwierigkeiten der mikrobiologischen Spezies-Definition sogar für diese Art sehr deutlich werden. Vor etwa 10 Jahren wurde die Taxonomie der Salmonellen daraufhin rationalisiert, was zu einer Verringerung der anerkannten Spezies von über 2000 auf gerade zwei führte - *S. enterica* und *S. bongori* (Le Minor and Popof, 1987; Achtman, 1998). Die neue Bezeichnung von z.B. von *S.typhimurium* ist jedoch sehr umständlich. Taxonomisch korrekt ist die Bezeichnung *S. enterica subsp. enterica Serovar Typhimurium*, so dass i.d.R. nur noch das Serovar im Kontext benannt wird.

Für die als Kommensalen im Nasopharynx lebenden humanen *Neisseria*-Spezies, die in hohem Maße Rekombinationen (sog. Panmixis, panmiktische Spezies) und Phasen aufweisen, ist die Klassifizierung jedoch noch erheblich schwieriger. Dieses Bakterium ist entsprechend dem Linnesehen binominalen System eingestuft worden. Darauf beruhen z.B. die Spezies *Neisseria meningitidis* und *N. lactamica*.

Rasante Fortschritte in der Sequenzierungstechnologie konnten zu einigen der fundamentalen Fragen hinsichtlich der mikrobiellen Populationsstrukturen, der genetischen Grundlage der Virulenz und der Bedeutung der Rekombination Antworten geben. MLST Datensätze erlauben insbesondere eine quantitative Abschätzung des Einflusses der Rekombination auf klonale Abwechslung. Erst wenn mehr Laboratorien diese Technik auch in der Routine verwenden, so dass die Datensätze mehr und mehr anwachsen (Sanderson et al., 1993), kann die Einschätzung kontinuierlich verbessert werden. So wie die Datensätze für andere Spezies zur Verfügung stehen werden, wird es möglich sein, einen sinnvollen Vergleich zwischen ihnen zu ziehen. Erst dann wird es möglich sein, die Teile von biologischen und ökologischen Faktoren auseinanderzupusseln, die die Rekombinationsraten bei den verschiedenen mikrobiologischen Spezies bestimmen und die Frage, die für jeden mikrobiellen Populationsbiologen der Heilige Gral sein sollte, anzugehen: Warum rekombinieren Bakterien?(Feil et al., 2001).