



Martin Taubert

2003–2008 Diplom in Biochemie an der Universität Leipzig.
2008–2012 Promotion in Biochemie an der Universität Leipzig bei Prof. Dr. M. von Bergen.
2012–2015 PostDoc bei Prof. Dr. J. C. Murrell an der University of East Anglia, Norwich, UK.
2015–2020 Lehrstuhlssistent bei Prof. Dr. K. Küsel an der Universität Jena. Seit 2020 Nachwuchgruppenleiter.

DOI: 10.1007/s12268-025-2457-1
© The Author(s) 2025

■ Mikroorganismen erbringen den überwiegenden Teil an Ökosystemfunktionen in unserer Umwelt, und doch erscheinen uns mikrobielle Gemeinschaften oft noch als „Black Box“. Durch moderne Omics-Methoden erhalten wir Einblicke in die Taxonomie und das funktionelle Potenzial der vorhandenen Organismen – aber welche davon sind wirklich aktiv und wie sind sie an Ökosystemfunktionen beteiligt? Diese Fragen begleiten mich bereits seit 15 Jahren durch meine wissenschaftliche Karriere und inspirieren mich zu innovativen Ansätzen zur Erforschung mikrobieller Aktivität in komplexen Gemeinschaften.

Mit meinem Team entwickle ich Methoden, um aktive Organismen zu identifizieren und Stoffflüsse zwischen mikrobiellen Populationen nachzuverfolgen. Wir setzen sie ein, um die Funktion komplexer Gemeinschaften in der Umwelt zu untersuchen. Dazu verwenden wir schwere, nicht-radioaktive Isotope wie ^{13}C oder Deuterium (D) als Tracer. In *Stable Isotope Probing* (SIP)-Experimenten

Nach Nachwuchswissenschaftler:innen stellen sich vor

Identifikation von Schlüsselorganismen in mikrobiellen Gemeinschaften

MARTIN TAUBERT

INSTITUT FÜR BIODIVERSITÄT, ÖKOLOGIE UND EVOLUTION, UNIVERSITÄT JENA UND EXZELLENZCLUSTER „BALANCE OF THE MICROVERSE“

verstoffwechseln aktive Organismen Substrate mit diesen Isotopen, wobei sie die schweren Isotope in Biomoleküle wie DNA und Proteine einbauen. Der Nachweis dieses Einbaus in den Biomolekülen eines Organismus beweist daher dessen Aktivität und die Verwendung des markierten Substrats. Speziell in Metaproteomanalysen können wir durch moderne Massenspektrometrie exakte Daten zum Einbau etwa von ^{13}C erhalten. Mittels *Stable Isotope Cluster Analysis* (SIsCA) erstellen wir damit ein quantitatives, zeitaufgelöstes Bild über die Kohlenstoffnutzung der einzelnen Organismen in der Gemeinschaft (**Abb. 1**, [1]).

Mit dieser Methode konnten wir z. B. die Bedeutung von schwefeloxidierenden Bakterien für die Primärproduktion und den Kohlenstofffluss in unbelastetem Grundwasser untersuchen. Wir zeigten, dass diese Organismen vielfältige metabolische Strategien von reiner Autotrophie zu Mixotrophie mit Verwendung diverser organischer Kohlenstoffverbindungen anwenden, um unter den oligotrophen Bedingungen im Grundwasser

erfolgreich zu sein [2]. Darüber hinaus entwickeln wir aktuell eine Methode zum Nachweis von D-Einbau in einzelnen DNA-Molekülen. Durch Inkubation mit schwerem Wasser (D_2O) können alle aktiven Zellen in einer Gemeinschaft markiert werden. Es gelang uns, mit Nanopore-Sequenzierung den Einbau von D als Modifikation in DNA-Sequenzen zu detektieren [3]. Dadurch wird eine direkte Verknüpfung von Sequenzdaten mit Aktivitätsinformationen möglich. In Zukunft könnte dies eine einfachere und schnellere Methode zur Identifizierung aktiver Organismen und Untersuchung ihrer Rolle für Ökosystemfunktionen liefern.

Danksagung

Ich danke Kirsten Küsel, Colin Murrell, Martin von Bergen, Matthias Boll und allen meinen Mitarbeitenden für ihre Unterstützung und Inspiration. Vielen Dank an die DFG und das Exzellenzcluster „Balance of the Microverse“ für die finanzielle Unterstützung. ■

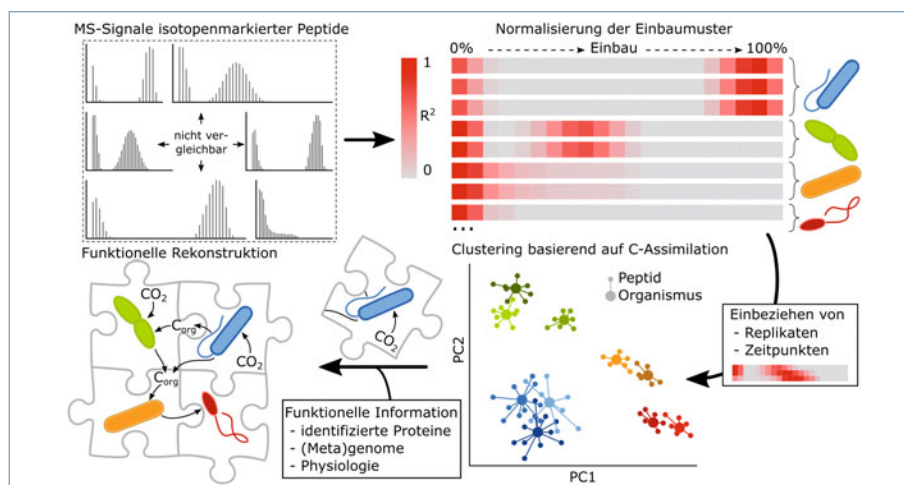
Literatur

- [1] Taubert M, Overholt WA, Heinze BM et al. (2022) Bolstering fitness via CO_2 fixation and organic carbon uptake: mixotrophs in modern groundwater. *ISME J* 16: 1153–1162
- [2] Heinze BM, Küsel K, Jehmlich N et al. (2023) Metabolic versatility enables sulfur-oxidizers to dominate primary production in groundwater. *Water Res* 244: 120426
- [3] Höner zu Siederdissen C, Spangenberg J, Bisdorf K et al. (2024) Detecting heavy isotope incorporation in DNA by nanopore sequencing. *Comput Struct Biotechnol J* 23: 3584–3594

Funding note: Open Access funding enabled and organized by Projekt DEAL.
Open Access: Dieser Artikel wird unter der Creative Commons Namensnennung 4.0 International Lizenz veröffentlicht, welche die Nutzung, Vervielfältigung, Bearbeitung, Verbreitung und Wiedergabe in jeglichem Medium und Format erlaubt, sofern Sie den/die ursprünglichen Autor(en) und die Quelle ordnungsgemäß nennen, einen Link zur Creative Commons Lizenz beifügen und angeben, ob Änderungen vorgenommen wurden. Die in diesem Artikel enthaltenen Bilder und sonstiges Drittmaterial unterliegen ebenfalls der genannten Creative Commons Lizenz, sofern sich aus der Abbildungslegende nichts anderes ergibt. Sofern das betreffende Material nicht unter der genannten Creative Commons Lizenz steht und die betreffende Handlung nicht nach gesetzlichen Vorschriften erlaubt ist, ist für die oben aufgeführten Weiterverwendungen des Materials die Einwilligung des jeweiligen Rechteinhabers einzuholen. Weitere Details zur Lizenz entnehmen Sie bitte der Lizenzinformation auf <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.de>.

Korrespondenzadresse:

Dr. Martin Taubert
Institut für Biodiversität
Friedrich-Schiller-Universität Jena
Dornburger Straße 159
D-07743 Jena
martin.taubert@uni-jena.de
<https://www.bio.uni-jena.de/en/2585/martin-taubert>



▲ **Abb. 1:** Überblick zur *Stable Isotope Cluster Analysis* (SIsCA). MS-Signale von isotonenmarkierten Peptiden (oben links) werden mit theoretischen Signalen verglichen, die den Bereich von 0–100 % Isotopeneinbau abdecken. Für jeden Vergleich wird ein Korrelationskoeffizient (R^2) berechnet, was zu normalisierten Einbaumustern führt (oben rechts). Mittels PCA werden die Peptide basierend auf der C-Assimilation des jeweiligen Organismus geclustert (unten rechts). Durch Integration funktioneller Omics-Daten ergibt sich daraus ein quantitatives Modell für den Kohlenstofffluss durch die Gemeinschaft (unten links).