Holzbock-Erbgut gibt Hinweise auf Bekämpfung der Borreliose

Sda, Zuletzt aktualisiert am 9.2.2016 um 15:01 Uhr, az Aargauer Zeitung, 9.2.2016

Ein internationales Forscherteam mit Schweizer Beteiligung hat das Erbgut der Zecke entschlüsselt. Neben Erkenntnissen über die Biologie der Blutsauger liefert die Studie auch Hinweise auf Angriffspunkte, um Zecken-Krankheiten wie Borreliose zu verhindern.

Jährlich erkranken in der Schweiz zwischen 9000 und 12'000 Menschen neu an Borreliose. Die von Zecken übertragene Krankheit verursacht hohe Gesundheitskosten. Ein internationales Forscherteam, darunter Wissenschaftler des Swiss Insitute of Bioinformatics (SIB), hat nun das Genom der Zecke Ixodes scapularis entschlüsselt, wie das SIB am Dienstag mitteilte.

Die Hirschzecke, auch Schwarzbeiniger Holzbock genannt, ist damit die erste Zecke, deren Erbgutsequenz beschrieben wurde. Damit schaffen die Forschenden eine Grundlage, um die Biologie der Zecken zu ergründen und Schwachstellen für ihre Bekämpfung zu finden. Die Ergebnisse erscheinen im Fachjournal "Nature Communications".

Angriffspunkte identifiziert

So konnten die Forschenden bereits einige der Proteine identifizieren, die an der Interaktion zwischen der Hirschzecke und dem Borreliose-Bakterium sowie anderen Krankheitserregern beteiligt sind. Diese Proteine könnten Angriffspunkte für künftige Massnahmen sein, um Zecken die Fähigkeit zur Übertragung von Krankheiten zu nehmen.

Die Infektion erfolgt, indem die Zecke beim Biss mit ihrem Speichel Krankheitserreger in die offene Wunde überträgt. In Europa ist hauptsächlich der Gemeine Holzbock (Ixodes ricinus) für die Infektion mit Borreliose verantwortlich, Ixodes scapularis ist der Hauptüberträger in den USA. Die Grundprinzipien der Übertragung dürften aber ähnlich sein.

Die Forschenden konnten zudem Gene identifizieren, die an der Verdauung von Blut und der Elastizität des Hinterleibs beteiligt sind, der sich bei der Blutmahlzeit prall füllt.

Komplexes Erbgut

Die Entschlüsselung des Zecken-Erbgut kostete die Wissenschaftler etwa zehn Jahre, da sich das Genom als sehr komplex herausstellte. Es enthält viele Wiederholungen, welche das Lesen und Interpretieren der Sequenz erschwerten.

Und noch etwas anderes Ungewöhnliches fiel den Forschenden auf: "Die Gen-Architektur der Zecke ähnelt mehr derjenigen von Säugetieren als der anderer Insekten", erklärte Robert Waterhouse vom SIB und der Universität Genf in der Mitteilung.

Grund hierfür sei, dass diese Architektur bei Zecken und Säugetieren noch mehr der des letzten gemeinsamen Vorfahren aller Tiere entspräche als bei anderen Insekten. Das komplexe Erbgut der Zecke eröffne daher auch neue Einblicke, wie Genome und Gene sich im Laufe der Evolution verändert haben.