

- ▶ Neue Zitteraal-Spezies durch DNA-Sequenzierungen entdeckt
- ▶ Wie erhalten sich Plasmide in Bakterienpopulationen?
- ▶ Bakteriell Schwimmen in Strömungen
- ▶ Vom Öl zum Gas: Vergärung von Kohlenwasserstoffen zu Methan und CO₂



Jochen Graw



Lina Thoma



Hannah Jeckel

DOI: 10.1007/s12268-019-1307-4
© Springer-Verlag 2019

Neue Zitteraal-Spezies durch DNA-Sequenzierungen entdeckt

Seit Carl von Linné vor rund 250 Jahren den Zitteraal (*Electrophorus electricus*) beschrieben hat, fasziniert dieser Fisch die Wissenschaft wegen der hohen elektrischen Spannungen, die er erzeugen kann. Bis vor kurzem galt *E. electricus* als der einzige Vertreter dieser Spezies. Ein internationales Konsortium um David de Santana vom Nationalmuseum für Naturgeschichte in Washington hat mit einer internationalen Gruppe die Homogenität der *E. electricus*-Populationen im nördlichen und mittleren Südamerika unter verschiedenen Gesichtspunkten genauer untersucht (de Santana CD et al., *Nat Commun* (2019) 10:4000).

Die Autoren fanden zunächst bei der Sequenzierung des mitochondrialen Gens *COI* (codiert für die Cytochrom-C-Oxidase 1) eine deutliche Aufspaltung in drei Gruppen. Die Sequenzierungen weiterer mitochondrialer Gene und solcher, die im Kerngenom codiert sind, führten zu demselben Ergebnis. Durch verschiedene statistische Verfahren konnten die Autoren zeigen, dass sich die drei Gruppen (die sie jetzt als verschiedene Spezies von

Electrophorus definieren) aus einem gemeinsamen Vorläufer entwickelt haben. Im späten Miozän vor 7,1 Millionen Jahren spaltete sich zunächst *E. varii* ab, und später im Pliozän vor 3,6 Millionen Jahren trennten sich die evolutionären Wege von *E. voltae* und *E. electricus*. Die drei Spezies unterscheiden sich aber nicht nur genetisch, sondern auch physiologisch: *E. electricus* erreicht die Entladung einer Spannung von 480 Volt, *E. varii* von 572 Volt und *E. voltae* sogar von 860 Volt. Die morphologischen Veränderungen betreffen die Gesamtgröße der Fische (*E. electricus*: 1 m; *E. varii*: 1,5 m und *E. voltae*: 1,7 m), aber auch die Formen ihrer Schädel und Flossen. Diese Unterschiede sind früher offensichtlich übersehen worden.

→ Die Arbeit macht deutlich, wie moderne genetische Methoden zu einem tieferen Verständnis evolutionärer Zusammenhänge beitragen können – auch wenn die Variationen der Populationen zunächst gering erscheinen mögen. Ein interessanter Aspekt betrifft die Lebensräume der verschiedenen Spezies: offensichtlich besetzen sie unterschiedliche ökologische Nischen, die eine Entwicklung in unter-



Abb.: Aus einer Art mach drei: Die Zitteraal-Gattung *Electrophorus* hat nun dank Genomanalyse mit *E. voltae* und *E. varii* zwei neue Mitglieder, die sich auch in der Höhe der ausgeteilten Stromstärke unterscheiden. Bild aus de Santana CD et al., *Nat Commun* (2019) 10:4000, CC BY 4.0.

schiedliche Arten begünstigt haben. Es wird spannend sein, die Ergebnisse von Sequenzierungen des gesamten Genoms der drei Spezies zu erfahren, und ob eine Hybridisierung (noch) möglich ist.

Jochen Graw ■

Wie erhalten sich Plasmide in Bakterienpopulationen?

Kryptische Plasmide codieren keine nachweisbaren positiven Funktionen und sind daher eigentlich eine metabolische Last für den Wirtsorganismus. Doch sie halten sich stabil in der Bakterien-Community. Dies gilt als das Plasmid-Paradoxon. T. Wein et al. (*Nat Commun* (2019) 10:2595) beschreiben, dass sich ein kleines, künstliches Resistenzplasmid auch unter nicht-selektiven Bedingungen über viele Generationen in Wirtspopulationen halten kann und auf niedrigem Niveau stabilisiert.

Externe Faktoren, die die Physiologie der *Escherichia coli*-Wirtszelle ändern, wie die Umgebungstemperatur, beeinflussen die Stabilität

des Plasmids, ebenso wie Plasmid-intrinsische Faktoren. Stabil evolvierte Plasmide unterscheiden sich vom Ausgangsplasmid in Kopienzahl, Topologie und dem relativen Transkriptionslevel ihrer Gene. Plasmidmultimere kommen bei evolvierten Plasmiden seltener vor.

Die Autoren vermuten, dass Plasmide aufgrund ihrer kleinen Größe besonders anfällig für topologische Konflikte zwischen Replikation und Transkription sind. Diese können in der Folge durch Störung der Replikation und reduzierter Auflösung von Multimeren zum Verlorengang der Plasmide bei der Zellteilung führen. Plasmide wirken diesem Konflikt über evolutionäre Anpassung entgegen und stabilisieren sich so als Monomere. Im vorliegenden Beispiel wirkt sich eine künstliche Hemmung der Transkription des Antibiotikaresistenzgens günstig auf die Stabilitätsentwicklung des Plasmids aus.

→ Für diese Stabilisierung ist keine positive Selektion auf Plasmid-codierte Gene nötig. Darauf deuten auch Erkenntnisse über natürliche Plasmide hin, die verschiedene Signale integrieren, um Replikation, Transkription, Stabilitätsmechanismen, Transfer- und Etablierungsfunktionen zu kontrollieren und zu koordinieren.

Lina Thoma ■



Knut Drescher



Bernhard Schink



Harald Engelhardt



Johannes Sander

Andreas
Seiffert-Störko

Tobias Engl



Michael Steinert



Martin Daus



Jannis Anstatt

Bakterielles Schwimmen in Strömungen

Auf der Suche nach Erklärungen für die Bewegungsmuster von schwimmenden Bakterien in Strömungen war eine Gruppe um Arnold Mathijssen (Stanford, USA) gleich doppelt erfolgreich: Nicht nur gelang es ihnen, bisher unbekannte Bewegungsverhalten zu entdecken, sie konnten auch sämtliche Bewegungspfade mit einer neuen physikalischen Theorie erklären.

Die Bewegung von *Escherichia coli*-Zellen wird nicht nur durch die Eigenschaften der Flagellenrotation und der Form des Zellkörpers bestimmt, sondern maßgeblich auch durch die Strömungsumgebung. Das Zusammenspiel zwischen Strömung, Zellkörper und Flagellen ist dabei hochkomplex, sodass es in der Vergangenheit nur gelang, einzelne Klassen von Bewegungspfaden zu erklären. Bei genauer Messung der bakteriellen Schwimmbewegung mittels 3D-Tracking-Mikroskopie entdeckten A. Mathijssen *et al.* (Nat Commun (2019) 10:3434) dass sich die Bewegungspfade stark

ändern, wenn die Schergeschwindigkeit in Strömungskanälen erhöht wird. Dabei beobachteten sie Übergänge von kreisenden Bewegungen nahe Oberflächen bei niedrigen Schergeschwindigkeiten, gefolgt von stromaufwärts gerichteten Schwimmpfaden, gefolgt von oszillierend stromabwärts orientierten Pfaden bei sehr hohen Schergeschwindigkeiten. Um die verschiedenen Klassen von Bewegungen zu erklären, kombinierten die Forscher die mechanischen Eigenschaften der Strömung, des Kanals, der Zell- und Flagellenform in einer neuen Theorie, wodurch sie schließlich die Charakteristiken aller Pfade korrekt vorhersagen konnten.

→ Die Ergebnisse der Forscher zeigen, dass sich die Mühe, verschiedene Phänomene anhand einer gemeinsamen Theorie zu vereinen, lohnen kann: Rein mechanische Prozesse sind für die Erklärung der Bewegungsmuster von *E. coli* in Strömung ausreichend.

Hannah Jeckel, Knut Drescher ■

Vom Öl zum Gas: Vergärung von Kohlenwasserstoffen zu Methan und CO₂

Metagenomanalysen von Probenmaterial von Ölauftritten im Golf von Mexiko zeigen, dass offensichtlich ein Archaeon einer einzigen Art dort die Umwandlung von länger-kettigen Kohlenwasserstoffen zu Methan und CO₂ katalysiert, das für die Aktivierung des Kohlenwasserstoffs ein der Methyl-CoM-Reduktase analoges Enzym benutzt.

Dass länger-kettige Alkane auch unter strikt anoxischen Bedingungen abgebaut werden können, ist seit den späten 1980er-Jahren bekannt. Auch eine Vergärung, d. h. Disproportionierung von länger-kettigen Kohlenwasserstoffen zu Methan und CO₂ ist nach früheren Arbeiten von Friedrich Widdel möglich, liefert aber nur sehr wenig Energie, die kaum ausreicht, um eine syntrophe Kooperation eines Gärers mit mindestens einem methanogenen Partnern zu ernähren (ca. – 15 kJ pro Teilreaktion). Es erscheint daher sinnvoll, Alkanoxidation und Methanbildung in einem einzigen Organismus zu kombinieren. Wissenschaftler

des Max Planck-Instituts für marine Mikrobiologie und des MARUM, Bremen (Laso-Pérez R *et al.*, mBio (2019), DOI: 10.1128/mBio.01814-19) zeigen nun mit weiteren Kollegen in Metagenomanalysen, dass in einem zahlenmäßig dominanten Archaeon sowohl die für die Bildung von Methan erforderlichen als auch die für die Oxidation länger-kettiger Alkane benötigten Gene gemeinsam vorhanden sind; die Oxidation des Alkans scheint durch die Umkehrung einer modifizierten Methyl-CoM-Reduktase eingeleitet zu werden.

→ Bisher waren nur methanbildende Archaeen bekannt, die sehr wenige, einfache Substrate nutzen. Die Verwertung von komplexen, reaktionsträgen Kohlenwasserstoffen stellt daher wirklich eine Überraschung dar. Wie so oft bei rein Genom-basierten Arbeiten bleiben die Ergebnisse ein wenig spekulativ; man wünscht sich diesen aufregenden Organismus in Kultur, um den angenommenen Prozess wenigstens nachweisen und bilanzieren zu können.

Bernhard Schink ■

Kurz gefasst

■ Eisen-katalysierte anaerobe Synthese von Acetyl-CoA-Stoffwechselprodukten

Die Diskussion über die Entstehung des zentralen Stoffwechsels erfährt durch die rein chemische Synthese aus CO₂ von neun der 13 Produkte des Tricarbonsäurezyklus (TCA) bzw. Glyoxylatzyklus und von vier Aminosäuren eine attraktive Perspektive (Muchowska KB *et al.* (2019) Nature 569:104–107). Es genügt, Pyruvat und Glyoxylat mit Fe²⁺ bei 70 °C unter Argon drei Stunden zu inkubieren, um Acetat, Pyruvat, Malat, Fumarat, Succinat, α-Ketoglutarat, Isocitrat und Aconitat zu gewinnen. Pyruvat und Glyoxylat entstehen durch abiotische CO₂-Reduktion und können Ausgangspunkt für die Entwicklung der enzymatisch katalysierten Stoffwechselzyklen sein. Wird dem Reaktionsgemisch Hydroxylamin und metallisches Eisen (Fe⁰) zugesetzt, entstehen die Aminosäuren Glycin, Alanin, Asparagin und Glutaminsäure. Die gewählten experimentellen Bedingungen, geringer Druck, gering erhöhte Temperatur, CO₂ als Kohlenstoffquelle, Hydroxylamin als Stickstoffquelle können präbiotischen Verhältnissen entsprechen und ergeben stabile Verbindungen, die heute noch die biotische Welt prägen.

Volkmar Braun

■ Matroschka: im Inneren ein Bakterium

Die Meeresschnecke *Elysia rufescens* frisst *Bryopsis*-Algen, nimmt dabei deren Chloroplasten und Kahalalide auf, das sind Fettsäure-Peptid-Hybride, die als Giftstoffe wirken. Die Schnecke nutzt beides zu ihrer eigenen Photosynthese und Verteidigung. Dieser Vorgang wird als Pharmakophagie bezeichnet und ist ein in der Natur weit verbreitetes Prinzip. J. Zan *et al.* (Science (2019) 364: eaaw6732) zeigten jetzt, dass das Gift eigentlich von einem Bakterium (*Candidatus Endobryopsis kahalalidefaciens*) gebildet wird, das als obligat intrazellulärer Endosymbiont mit stark reduziertem Genom in den Algen lebt. Die zur Synthese der Kahalalide benötigten Aminosäuren stellt die Alge zur Verfügung, da der Endosymbiont nicht zu ihrer Synthese befähigt ist. Das toxischste aller Kahalalide (Kahalalid F) könnte sich zur Krebsbekämpfung eignen.

Johannes Sander

- ▶ Ein Protein findet den kürzesten Weg in *Magnetospirillum*
- ▶ Methanogener mit Eisenatmung
- ▶ Alternativer Calvin-Zyklus
- ▶ Power-to-Protein für das Welt-Ernährungsproblem?

Ein Protein findet den kürzesten Weg in *Magnetospirillum*

Die Magnetosomen in *Magnetospirillum gryphiswaldense* sind linear aufgereiht und an der Längsachse der Zelle ausgerichtet. Dabei folgt die wie eine Kompassnadel wirkende Magnetosomenkette einem nahezu idealen Pfad durch die spiralige Zelle. Mauricio Toro-Nahuelpan *et al.* (Nat Microbiol (2019), <https://doi.org/10.1038/s41564-019-0512-8>) fanden heraus, dass und wie das Membranprotein MamY dafür die Richtung vorgibt.

■ Die membranumhüllten Magnetpartikel sind mit dem Protein MamJ an Filamente des Aktin-ähnlichen MamK gebunden. Diese reihen die Magnetosomen zwar auf, sind aber zu flexibel und dynamisch, um die Kette in Richtung der Längsachse stabil auszurichten. Die Autoren fanden mit sorgfältigen und umfangreichen Mutations- und mikroskopischen Studien heraus, dass das Membranprotein MamY sich nach seiner Insertion in Regionen der Zellmembran anreichert, die eine positive Krümmung aufweisen. Dort verbinden sich die Moleküle zu einem strukturell stabilen, linearen Aggregat und koppeln die Magnetosomen, ebenfalls über MamJ, an die Membran. Die zum Zellinneren gerichtete Fläche der Cytoplas-

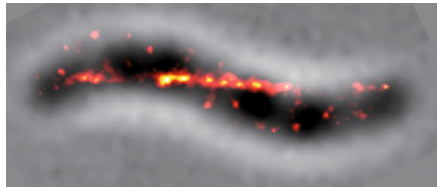


Abb.: Superauflösende Fluoreszenzmikroskopie lebender Zellen zeigt, wie das MamY-Protein in *Magnetospirillum*, der Mikrobe des Jahres 2019, angeordnet ist: Es folgt der stärksten Krümmung der inneren Zelloberfläche.

Bild: © Mauricio Toro-Nahuelpan, Giacomo Giacomelli, Marc Bramkamp.

mamemembran ist in Kokken immer in zwei Dimensionen, in Stäbchen mindestens in einer Dimension konkav gekrümmt. Vibrionen und Spirillen enthalten dagegen auch konvexe Membranbereiche. Die Linie maximal positiver Krümmung verläuft zwar nicht unbedingt schnurgerade, aber immer entlang der kürzesten Verbindung zwischen den Zellpolen und dadurch auch abschnittsweise so parallel zur Längsachse der Zelle wie möglich. Entsprechend aufgereichte Magnetosomen in *Magnetospirillum* garantieren deshalb eine effiziente Bewegung der Zellen entlang der Feldlinien

des Erdmagnetfelds. Magnetosomenketten in Δ MamY-Mutanten haben ihre Positionierung entlang der idealen Krümmungslinie verloren, Δ MamK-Mutanten zeigen sie noch, aber mit fragmentierten Ketten, und Δ MamJ- sowie Δ MamKY-Mutanten bilden nur noch ungeordnete Magnetosomen-Cluster und können sich kaum mehr am Magnetfeld ausrichten.

→ *Magnetospirillum* – die Mikrobe des Jahres 2019 – gibt immer mehr Details ihres komplexen, durch mehr als 30 Gene codierten Orientierungsorganells preis und bietet dabei überraschende Einblicke in dessen Aufbau. Die Herausforderung, eine optimale und stabile Orientierung der Magnetosomen in der Zelle zu schaffen, wurde lange unterschätzt. Mit MamY entdeckten die Forscher nun das Schlüsselprotein. Seine Eigenschaft, die Membrankrümmung zu erkennen und ihr zu folgen, liegt in der Membrandomäne des Proteins. Damit reiht sich MamY in die Gruppe der Proteine ein, die Membrankrümmungen verursachen oder wahrnehmen können. Die Besonderheit von MamY in *Magnetospirillum* liegt darin, dass es die geometrische Dimension einer ganzen Zelle – seine Längsachse – abbildet.

Harald Engelhardt ■

Methanogener mit Eisenatmung

Essigsäure-spaltende (acetoklastische) Methanogene sind für etwa zwei Drittel der weltweiten Methanbildung verantwortlich. Die Spaltung von Acetat in CO_2 und CH_4 liefert jedoch selbst unter optimalen Laborbedingungen nur sehr wenig Energie ($\Delta G^0 = -36 \text{ kJ/mol}$), sodass unklar bleibt, wie diese Organismen unter den oft suboptimalen Bedingungen in der freien Natur überleben und sich gegen anaerobe Atmer behaupten können.

■ D. Prakash *et al.* (Sci Adv (2019) 5:eaaw9059) zeigen, dass *Methanosarcina acetivorans* ihre magere Energiebilanz durch die Fähigkeit zur Fe(III)-Atmung aufbessert. Die Zellen wachsen deutlich besser nach Zugabe von Ferrihydrit ($\text{Fe}(\text{OH})_3$). Außerdem verbrauchen sie mehr Acetat und bilden mehr Methan.

Durch Zugabe geringer Mengen von Anthraquinon-2,6-Disulfonat (AQDS), das wahrscheinlich als Elektronenüberträger dient, kann dieser Effekt sogar noch gesteigert werden. In der Natur könnte Huminsäure die Rolle des AQDS übernehmen. Erwartungsgemäß entstehen Fe(II)-Ionen. Das ATP/ADP-Verhältnis steigt bei Zugabe von Ferrihydrit bzw. Ferrihydrit und AQDS an. In Gegenwart von Mcr-Inhibitoren, die die Freisetzung von Methan behindern, wird kein Wachstum beobachtet; eine Entkopplung der Fe(III)-Atmung von der Methanbildung ist also nicht möglich.

→ Es ergibt sich ein neues Modell für den Stoffwechsel von *M. acetivorans*: Aus Acetat entsteht Acetyl-CoA, dessen Carbonylgruppe zu CO_2 oxidiert wird. Die dabei frei werdenden Elektronen werden nach bisheriger Vorstellung

auf die Methylgruppe unter Bildung von Methan übertragen. Dabei handelt es sich um eine endogene Übertragung, was einem Gärungsstoffwechsel entspricht, der relativ wenig Energie liefert. Nach der neuen Vorstellung werden zwei von drei Methylgruppen weiterhin zu Methan reduziert, während die dritte zu CO_2 oxidiert wird. In diesem Fall wären Fe(III)-Ionen zusätzliche Endakzeptoren für die Elektronen, was einem exogenen Transfer und somit einer energetisch günstigeren anaeroben Atmung entspricht. Die bei der Oxidation der dritten Methylgruppe freiwerdenden Elektronen würden zur Regeneration des Heterodisulfids CoM-S-S-CoB genutzt; die dabei freigesetzte Energie erlaubt gleichzeitig die Energieaufwendige Reduktion von Ferredoxin (Elektronengabelung).

Johannes Sander ■

Alternativer Calvin-Zyklus

Von den sieben bekannten CO₂-Fixierungswegen tritt allein der Calvin-Zyklus (reduktiver Pentosephosphatweg) auch bei Eukaryoten auf und hat damit quantitativ die größte Bedeutung. Schlüssel-enzym dieses Wegs ist die Ribulose-Bisphosphat-Carboxylase-Oxygenase (RubisCO), die aus Ribulose-1,5-Bisphosphat, CO₂ und Wasser zwei Moleküle 3-Phosphoglycerat bildet. Von der RubisCO existieren drei Formen; nach bisheriger Erkenntnis spielt die Form III aber nur im Rahmen des oxidativen Pentosephosphatwegs bei der Biosynthese von Nukleotiden eine Rolle.

■ 3-Phosphoglycerat dient der Synthese von Zuckern und der Regeneration von Ribulose-1,5-Bisphosphat. Zwei der Zwischenschritte des Regenerationswegs, die Umwandlung von Erythrose-4-Phosphat und Dihydroxyacetonphosphat über Sedoheptulose-1,7-Bisphosphat zu Sedoheptulose-7-Phosphat katalysieren die Enzyme SBP-Aldolase und SBPase. Im Prinzip kann auch eine Transaldolase deren Funktion übernehmen. Nach bisherigem Kenntnisstand wird diese Transaldolase-Vari-

ante des Calvin-Zyklus allerdings von autotrophen Organismen nicht genutzt. E. N. Frolov *et al.* (Proc Natl Acad Sci USA (2019) 116:18638–18646) konnten jetzt zeigen, dass das H₂-, bzw. Formiat-oxidierende, Sulfat-reduzierende Bakterium *Thermodesulfobium acidophilum* wahrscheinlich nicht nur die Transaldolase-Variante des Calvin-Zyklus nutzt, sondern dabei auch eine Form-III-RubisCO zur CO₂-Fixierung verwendet. Diese These stützen nicht nur entsprechende Enzymgene im Genom des Bakteriums, sondern auch deren nachgewiesene Expression und biochemische Analysen der Enzymaktivitäten.

→ Bei *T. acidophilum* reagiert Erythrose-4-Phosphat mit Fructose-6-Phosphat – katalysiert von der Transaldolase – direkt zu Sedoheptulose-7-Phosphat und Glycerinaldehyd-3-Phosphat. Das Vorkommen entsprechender Gencluster legt nahe, dass auch *Ammonifex degensii*, für das ein solcher Zyklus bereits früher postuliert wurde, sowie weitere Bakterien die Transaldolase-Variante des Calvin-Zyklus nutzen. *A. degensii* kann darüber hinaus CO₂ auch über den Acetyl-CoA-Weg fixieren.

Johannes Sander ■

Kurz gefasst

■ **Nerze als Grippeüberträger**
Schweine besitzen sowohl vogeltypische (2,3-verknüpfte, als auch Säuger-typische (2,6-verknüpfte Sialinsäurereste, an die Influenza-A-Viren mit ihrem Hämagglutinin binden können. Daher gelten sie als wahrscheinlicher Zwischenwirt für Grippeviren-Übertragung von Vögeln auf den Menschen und als Mischkessel für Oberflächenantigene. Anhand von Datenbankanalysen und mithilfe von Diversitätsindizes zeigen P. Zhao *et al.* (Sci Rep (2019) 9:11641), dass der Amerikanische Nerz (*Neovison vison*), der ebenfalls beide Sialinsäuretypen besitzt und zudem gelegentlich Vögel verzehrt, von zahlreichen Influenza A-Typen infiziert werden kann und daher auch als Zwischenwirt in Frage kommt. Möglicherweise spielen auch andere, in der Übergangszone zwischen Wasser und Land lebende Säugetiere eine Rolle als Überträger. Eine Überwachung dieser Tiergruppen könnte daher die Vorhersage von Epidemien erleichtern.

Johannes Sander

Power-to-Protein für das Welt-Ernährungsproblem?

Der Protein hunger in der Welt stellt ein Umweltproblem dar, insbesondere durch die Tierzucht. Zurzeit wird an Alternativen, z. B. Insektenprotein, geforscht. Bastian Molitor *et al.* (Energy Environ Sci (2019), DOI: 10.1039/c9ee02381j) erarbeiteten einen zweistufigen Bioprozess zur Umwandlung von Wasserstoff und Kohlendioxid in Protein (*single cell protein*, SCP). Sie fermentierten *Clostridium ljungdahlii*, der aus Wasserstoff und CO₂ Acetat herstellt. Dieses Acetat verwendet der Hefestamm *Saccharomyces cerevisiae* in einer zweiten Fermentation zur Bildung von Protein.

■ *C. ljungdahlii* fermentiert im kontinuierlichen Verfahren, gefüttert mit einer Nährlösung und ausgestattet mit einem Filter zur Zellrückhaltung. Sobald diese Kultur eine ausreichende Acetat-Produktionsrate erreicht hat, startet die zweite Fermentation mit *S. cerevisiae*. Der Acetat-reiche Nährstoffstrom

(C-Quelle) aus dem *Clostridium*-Fermenter ermöglicht deren Wachstum, unterstützt durch eine kontinuierlich zugegebene Stickstoffquelle. Über insgesamt 100 Tage bildet diese Kombination erfolgreich Hefeprotein in einer Rate von maximal 0,07g/l h⁻¹. Kommerzielle Protein-Produktionsraten liegen allerdings zwischen 0,7 und 2,3g/l h⁻¹. Kohlenstoff-Bilanzen zeigen eine CO₂-Einbaurate von ca. 80 Prozent (in Acetat) und davon ca. 28 Prozent in Protein. Beide Fermentationen binden in der Gesamtbilanz etwa ein Viertel des aufgenommenen Kohlenstoffs in Biomasse. Optimiert wurden die ausreichende Versorgung der Bakterien mit Vitaminen sowie die Gewöhnung der Hefe an Acetat als einzige Kohlenstoffquelle. Diese Machbarkeitsstudie im Ein-Liter-Maßstab benötigt Strom (zur Herstellung von Wasserstoff und Sauerstoff aus der Wasserelektrolyse), Kohlendioxid und eine Stickstoffquelle, die aus Abfallströmen (z. B. Urin) stammen kann. Die

Proteinbildungsrate muss dazu noch deutlich optimiert werden.

→ Die Autoren beschreiben einen umfangreichen Ausblick zum Scale-up ihres Bioprozesses. SCP aus dem Pilz *Fusarium venenatum* wird in einigen Ländern der EU als Fleischersatz kommerziell unter dem Namen QuornTM angeboten und in rund 300 m³ großen Fermentern hergestellt. Die Proteinbildungsrate liegt rund 14fach höher als die hier gezeigte. Dennoch wäre es denkbar, diese Anlage mit dem beschriebenen Verfahren zu betreiben. Die Fermenter für die Stufe A hätten eine identische Größe zu denen der Pilzfermentation. Auch in Entwicklungsländern wäre der Betrieb einer solchen zweistufigen SCP-Anlage denkbar, um die dortige Bevölkerung mit Protein versorgen zu können. Für die Versorgung einer prognostizierten Weltbevölkerung von zehn Milliarden Menschen müssten rund 10.000 solcher zweistufigen Anlagen gebaut werden.

Andreas Seiffert-Störiko ■

- ▶ Symbionten als aktiver Kohlenstoffspeicher eines Plattwurms?
- ▶ Enzymatische Kontrolle von Virulenzfaktoren in Legionellen
- ▶ Ausbreitung transgener Moskitos
- ▶ Übertragung von Alzheimer im Krankenhaus

Symbionten als aktiver Kohlenstoffspeicher eines Plattwurms

Ernährungssymbiosen mit Bakterien sind bei land- und meeresbewohnenden Tieren (Insekten, „Würmer“) weit verbreitet. Die meisten dieser Assoziationen sind sehr alt, Stoffwechsel und Interaktion dementsprechend aufeinander angepasst. Während Insektensymbionten von ihnen produzierte Nährstoffe mit ihrem Wirt austauschen, werden die bisher bekannten Symbionten von marinen Tieren oft einfach verdaut und wachsen ständig nach.

■ O. Jäckle *et al.* (Proc Natl Acad Sci USA (2019) 116:8505–8514) beschreiben nun aber die Symbiose eines mund- und darmlosen Plattwurms der Gattung *Paracatenula* mit dem chemoautotrophen Alphaproteobakteriums *Candidatus Riegeria santandreae*, deren Interaktion anders als bei marinen Tieren üblich abläuft. *Ca. Riegeria santandreae* gehört zu den Rhodospirillaceae, zeichnet sich durch ein stark reduziertes Genom, vor allem aber durch eine enge metabolische Vernetzung mit seinem Wirt aus. *Ca. Riegeria* ist ein ausgezeichneter Kohlenstoff- und Energiespeicher. Dies geschieht durch effiziente Sulfid-Oxidation, ge-



Abb.: *Paracatenula* lebt rund um den Globus überall dort, wo es Sand unter geschützten Bedingungen gibt. Die weiße Färbung von *Paracatenula* ist ihren symbiotischen Bakterien zu verdanken. Bild: Oliver Jäckle, Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie.

koppelt mit variabler Kohlenstoff-Fixierung (v. a. durch den Austausch von Kohlenstoffquellen zwischen unterschiedlichen Symbion-

tenpopulationen innerhalb des Wirts), der anaerobischen CO_2 -Fixierung sowie der Fähigkeit, diese als Polyhydroxyalkanoate, Trehalose und Glykogen zu speichern. Außerdem werden Nährstoffe über äußere Membranvesikel mit dem Wirt ausgetauscht. Die Fähigkeit, weiterhin eine Vielzahl von Aminosäuren, Vitaminen und Co-Faktoren zu synthetisieren, macht *Ca. Riegeria* insgesamt zur Hauptnahrungsquelle von *Paracatenula*.

→ Obwohl Ernährungssymbiosen weit verbreitet sind und auch schon vielfach beschrieben wurden, werden immer neue Spezialisierungen der Interaktion zwischen Wirt und Symbiont gefunden. Das sind Varianten von einfachen Formen des Farmings und dem Verdau der Symbionten bis zu einer hochgradig verschachtelten, jedoch aufwändig abgestimmten Verzahnung des Metabolismus beider Partner. Diese Publikation stellvertretend für letzteren Fall ist ein eindrucksvolles Beispiel für die Diversität der Interaktion von unterschiedlichen Lebewesen, die noch darauf warten, entdeckt zu werden.

Tobias Engl ■

Enzymatische Kontrolle von Virulenzfaktoren in Legionellen

***Legionella pneumophila*, der Erreger der Legionärskrankheit, nutzt zahlreiche Virulenzfaktoren, um die zellulären Abwehrfunktionen von Lungenmakrophagen außer Kraft zu setzen. Da Makrophagen für den intrazellulären Vermehrungszyklus von Legionellen notwendig sind, müssen die Erreger die Aktivitäten dieser Virulenzfaktoren sehr genau dosieren, um ein vorzeitiges Absterben der Wirtszellen zu verhindern. Für die Familie der hochtoxischen SidE-Effektoren von *L. pneumophila*, die eine Ubiquitin-Ligase-Aktivität besitzen, wurde ein neuartiger Regulator entdeckt. Dieser regulatorische Gegenspieler SidJ, der ebenfalls von den Bakterien ausgeschüttet wird, besitzt eine seltene Glutamylase-Aktivität, mit der Glutamat in der katalytischen Domäne der bakteriellen Ubiquitin-Ligasen modifiziert werden kann.**

■ Der Arbeitsgruppe von Ivan Dikic zeigte, dass der enzymatische Regulator SidJ von *L. pneumophila* das katalytische Glutamat in der Mono-ADP-Ribosyltransferase-Domäne von SidE-Enzymen angreift und so deren Aktivität effektiv hemmt (Bhogaraju S *et al.*, Nature (2019) 572:382–386). Die Deletion von SidJ in *L. pneumophila* führt zu Wachstumsdefekten während der intrazellulären Vermehrung des Erregers in Wirtszellen. Jedoch war über Glutamylasen wie SidJ und deren Beitrag zur Regulation von Proteinen bislang nur wenig bekannt. Ein großer Schritt bei der Aufklärung des zugrundeliegenden Mechanismus ist die Identifizierung des eukaryotischen Kofaktors Calmodulin, der für die enzymatische Aktivität des bakteriellen SidJ benötigt und durch intrazelluläre Kalzium-Konzentrationsänderungen reguliert wird. Mithilfe der Kryo-Elektronenmikroskopie gelang es, die Struktur von SidJ im Komplex mit humanen

Apo-Calmodulin darzustellen. Als heterodimere Glutamylase scheint durch die Bindung des Calmodulins eine Kinase-ähnliche Domäne in SidJ stabilisiert zu werden, die zur Bildung einer stabilen katalytischen Tasche führt. In infizierten Wirtszellen erfolgt die SidJ-Calmodulin-vermittelte Inhibition der bakteriellen Ubiquitin-Ligasen auf der Oberfläche von *Legionella*-haltigen Vakuolen. Jedoch sind auch wirtsspezifische Targetproteine von der SidJ-Enzymaktivität betroffen, womit diesem Regulator eine vermutlich noch weitreichendere regulatorische Rolle zukommt.

→ Aus der Entdeckung dieses Regulationsmechanismus könnten sich neue antibakterielle Interventionsmöglichkeiten ergeben. Wenn sich geeignete Inhibitoren für die Glutamylase-Domäne entwickeln lassen, könnten diese komplementär zu konventionellen Antibiotika verabreicht werden.

Michael Steinert ■

Ausbreitung transgener Moskitos

Die Gelbfiebermücke (*Aedes aegypti*) kommt hauptsächlich in den Tropen und Subtropen vor und überträgt Viren, die zu fieberhaften Infektionen führen (vor allem Gelbfieber, aber auch Dengue- und Zika-Fieber) und oft tödlich enden. Als vorbeugende Maßnahmen sind Impfungen möglich. Man versucht aber, auch die Ausbreitung dieser Stechmücken zu verhindern. Dazu werden z. B. transgene Stechmücken eingesetzt.

■ Ein internationales Autorenteam um Jeffrey R. Powell (Yale Universität, New Heaven) hat jetzt über die Auswertung eines Feldversuchs berichtet (Evans BR et al., *Sci Rep* (2019) 9:13047), bei dem in den Jahren 2013 bis 2015 in Jakobina, einer Kleinstadt in Brasilien, wöchentlich 450.000 transgene männliche Fliegen freigesetzt wurden. Die transgenen Fliegen (OX513A) sind mit einem Fluoreszenzfarbstoff markiert und homozygot für ein konditionales dominant-letales Allel – d. h. sie überleben im Labor nur bei Behandlung mit

dem Antibiotikum Tetracyclin. Bei der Verpaarung in der Natur entstehen heterozygote Fliegen, die durch den Fluoreszenzfarbstoff eindeutig klassifizierbar sind und vor allem absterben, wodurch die Fliegenpopulation deutlich verkleinert werden sollte. In Jakobina wurde diese Verkleinerung auch bis 18 Monate nach Beginn der Freisetzung beobachtet – danach allerdings schnellte die Populationsgröße wieder auf das Ausgangsniveau zurück. Die Autoren beobachteten bei den überlebenden Fliegen Gene, die ursprünglich von den OX513A-Fliegen kommen und in der Ursprungspopulation von Jakobina nicht vorhanden waren (Introgression).

→ *Die Arbeit zeigt beispielhaft, dass genetische Systeme unter Freilandbedingungen oft deutlich komplexer reagieren als das unter Laborbedingungen erwartet wird. Allerdings berichten die Autoren, dass auch unter Laborbedingungen drei bis vier Prozent der heterozygoten Fliegen überleben können, ohne dass die Ursachen dafür bekannt sind. Und die*



Abb.: Der Gelbfiebermücke (*Aedes aegypti*) soll es durch Einkreuzung nicht-überlebensfähiger Mutanten an den Kragen gehen. Jedoch sieht die Realität im Feld anders aus als im Labor. Bild: © frank600/Getty Images/iStock.

OX513A-Fliegen stammten ursprünglich aus Kuba, wurden dann mit mexikanischen Fliegen gekreuzt – und offensichtlich sind die trihybriden Fliegen jetzt robuster als die Ausgangspopulation in Jakobina.

Jochen Graw ■

Übertragung von Alzheimer im Krankenhaus

Alzheimer ist die weltweit am häufigsten auftretende neurodegenerative Erkrankung. Noch immer ist die Ursache für die Entstehung der Krankheit nicht geklärt und damit verbunden fehlt bislang eine heilende Therapie. Die Auswertung von Patientendaten und Gewebeproben legen nahe, dass eine iatrogene d. h. durch ärztliche Behandlung bedingte Übertragung von Alzheimer-typischen Proteinaggregaten in der Vergangenheit stattgefunden hat. Neue Methoden zur Dekontamination medizinischer Geräte sind daher unabdingbar.

■ Die Arbeitsgruppe um J. Collinge hat in einer vorangegangenen Arbeit gezeigt, dass in Creutzfeldt-Jakob-Patienten, die in ihrer Kindheit mit Prion-kontaminierten Wachstumshormonen behandelt wurden, auch Ablagerungen des für die Alzheimer-Erkrankung typischen Amyloid- β Proteins ($A\beta$) detektiert werden konnten (Jaunmuktane Z et al., *Nature* (2015)

525:247–250). $A\beta$ ist zwar nicht unbedingt der Auslöser der Alzheimer-Erkrankung, jedoch scheinen $A\beta$ -Keime den Fehlfaltungsprozess des Amyloid-Vorläufer-Proteins während der Erkrankungsphase zu beschleunigen. Diese Tatsache verlangt nach einer genauen Überprüfung biologischer Proben hinsichtlich eines möglichen Infektionspotenzials und nach neuen, verlässlichen Dekontaminationsmethoden für medizinisches Operationsbesteck. In ihrer aktuellen Arbeit konnten S. A. Purro et al. (*Nature* (2018) 564:415–429) zeigen, dass die damals verwendeten Proben an Wachstumshormonen signifikante Mengen des fehlgefalteten Proteins $A\beta$ enthielten. Wurden diese Proben an Mäuse verimpft, welche das humane Amyloid-Vorläufer-Protein exprimierten, so konnte eine Beschleunigung der Fehlfaltungsreaktion erkannt werden. M. Beekes, M. Mielke und A. Thomzig (*Nature* (2019) 565:429) erprobten Dekontaminationsmethoden, welche effektiv gegen Prionen eingesetzt werden, in-

dem sie diese auch auf die Wirksamkeit gegenüber $A\beta$ testeten. Die in den Analysen verwendeten Methoden scheinen eine ähnlich gute Wirksamkeit gegenüber $A\beta$ aufzuzeigen. Darüber hinaus konnte zudem die Wirksamkeit gegenüber α -Synuclein gezeigt werden, das Protein, welches mit der Parkinson-Erkrankung in Verbindung steht.

→ *Die von Purro et al. erbrachten Daten verdeutlichen die Notwendigkeit effektiver Dekontaminationsmethoden für medizinisches Operationsbesteck, um zufällige Infektionsübertragungen zu verhindern. Die aktuellen Daten von Beekes et al. weisen darauf hin, dass Dekontaminationsmethoden, welche gegenüber Prionen eine hohe Wirksamkeit zeigen, auch gegenüber amyloiden Proteinen anderer neurodegenerativer Erkrankungen wirksam sind. Diese Erkenntnisse müssen weiterhin sorgfältig geprüft und allgemeingültige Vorschriften zur Dekontamination festgelegt werden.*

Martin Daus ■

► Cytoplasmatische Aktinfilamente helfen bei der Zellteilung

Cytoplasmatische Aktinfilamente helfen bei der Zellteilung

Die Verteilung der Chromosomen auf die Tochterzellen, einer der wichtigsten Schritte der Zellteilung, wird durch einen Spindelapparat aus Mikrotubuli ausgeführt. Andere Komponenten des Cytoskeletts sind nach bisherigem Kenntnisstand nicht beteiligt. A. M. Kita *et al.* (Mol Biol Cell (2019) 30:1645–1654) zeigen jedoch, dass auch Aktinfilamente an diesem Prozess mitwirken.

■ Im Gegensatz zu Mikrotubuli, deren Filamente das Cytoplasma durchspannen, wird Aktin traditionell eher in der Peripherie von Zellen, dem Kortex, verortet. Mithilfe eines Protokolls, welches eine bessere Erhaltung von Aktinfilamenten bei der Fixierung von Zellen ermöglichen sollte, fanden Kita *et al.* jedoch auch Aktinfilamente im Cytoplasma, insbesondere während der Zellteilung. Dabei zeigten die Autoren, dass diese Strukturen weder durch das Fixierungsprotokoll hervorgerufen noch spezifisch für das verwendete Modell-

system waren: Bei hinreichend schneller Aufnahme der Mikroskopiebilder nach der Fixierung waren die cytoplasmatischen Aktinstrukturen stets, wenn auch etwas undeutlicher, zu erkennen. Daraus schlossen die Autoren, dass die cytoplasmatischen Aktinfilamente deutlich labiler als die kortikalen Aktinfilamente sind und daher bei herkömmlicher Fixierung leicht verloren gehen können. Um die cytoplasmatischen Aktinstrukturen während der Zellteilung genauer zu charakterisieren, untersuchten die Autoren den zeitlichen Verlauf der Zellteilung mittels fixierter und lebender Proben. Dabei stellten sie fest, dass das cytoplasmatische Aktin-Skelett aus mehreren Strukturen besteht, die während der Zellteilung eine definierte Veränderung durchlaufen. Manche Aktinfilamente scheinen mechanisch an den Spindelapparat gekoppelt zu sein, da sie ihm in Struktur und Bewegung ähneln. An der Grenze zwischen Metaphase und Anaphase beobachteten die Autoren be-

sonders intensive Filamente, die rapide vom Kortex aus genau in Richtung der Zentrosomen wuchsen. Die Autoren spekulierten, dass diese Strukturen möglicherweise der Kommunikation zwischen Kortex und Spindelapparat dienen.

→ *Den Autoren zufolge ist die bisherige Sichtweise, dass Aktin während der Zellteilung nur an der Peripherie der Zellen und nicht im Cytoplasma verortet ist, der labilen Natur der cytoplasmatischen Aktinfilamente geschuldet. Die Entwicklung verbesserter Methoden zur Konservierung dieser Strukturen eröffnet spannende Fragen nach dem bisher weniger erforschten Zusammenspiel von Aktin und Mikrotubuli. Die verschiedenen Aktin-Strukturen beispielsweise, die an spezifischen Punkten des Zellzyklus auftauchen, zeigen dass die Rolle von cytoplasmatischem Aktin wahrscheinlich deutlich wichtiger ist, als bisher angenommen.*

Jannis Anstatt ■

Prof. Dr. Jochen Graw, Unterschleißheim, jochen.graw@tum.de

Dr. Lina Thoma, Interfakultäres Institut für Mikrobiologie und Infektionsmedizin Tübingen, Universität Tübingen, Auf der Morgenstelle 28, D-72076 Tübingen, lina.thoma@uni-tuebingen.de

Hannah Jeckel und Prof. Dr. Knut Drescher, Zentrum für Synthetische Mikrobiologie, Karl-von-Frisch-Straße 16, D-35043 Marburg, k.drescher@mpi-marburg.mpg.de

Prof. Dr. Bernhard Schink, Universitätsstraße 10, D-78457 Konstanz, Bernhard.Schink@uni-konstanz.de

Dr. Harald Engelhardt, Max-Planck-Institut für Biochemie, Am Klopferspitz 18, D-82152 Martinsried, engelhar@biochem.mpg.de

Dr. Johannes Sander, Falkenstraße 87, D-58553 Halver, jtmsander@gmx.de

Dr. Andreas Seiffert-Störiko, Sanofi GmbH, Industriepark Höchst, D-65926 Frankfurt a. M., Andreas.Seiffert-Stoeriko@sanofi.com

Dr. Tobias Engl, Institut für organismische und molekulare Evolutionsbiologie, Universität Mainz, Hanns-Dieter-Hüsch-Weg 15, D-55128 Mainz, tengl@uni-mainz.de

Prof. Dr. Michael Steinert, Institut für Mikrobiologie, TU Braunschweig, Spielmannstraße 7, D-38106 Braunschweig, m.steinert@tu-bs.de

Dr. Martin L. Daus, Leonardo da Vinci Campus, Alfred-Nobel-Straße 10, D-14641 Nauen, Martin.Daus@ldvc.de

■ Autor aus der jGBM 

Jannis Anstatt, Universität Göttingen, Justus-von-Liebig-Weg 11, D-37077 Göttingen, Jannis.Anstatt@stud.uni-goettingen.de