



Ernst Weber

(Jahrgang 1975) studierte 1996–2001 Biochemie an der Martin-Luther-Universität Halle. 2002–2006 Dissertation bei PD Ralf Koebnik am Institut für Genetik in Halle. Seit 2006 *EMBO Long Term Fellow* in der Gruppe von Hugh Pelham am MRC-LMB in Cambridge.

VAAM-Promotionspreis

Der Hrp-Pilus – Brücke zwischen den Reichen

ERNST WEBER

MRC LABORATORY OF MOLECULAR BIOLOGY, CAMBRIDGE, UK

■ Übertragbare Krankheiten werden von den Menschen seit alters her als besondere Bedrohung empfunden. Einen besonders tiefen Eindruck hinterließ die von *Yersinia pestis* ausgelöste Pest, die in mehreren Pandemien den vorderen Orient, den Mittelmeerraum und Nordeuropa entvölkerte. Weitere Gram-negative Pathogene wie *Salmonella* spp., *Shigella* spp. und pathogene *Escherichia coli* lösen Nahrungsmittelvergiftung, Typhus, Dysenterie oder Diarrhö aus. Die Divergenz der ausgelösten Krankheitssymptome deutet auf jeweils einzigartige molekulare Mechanismen als Auslöser für diese Krankheiten hin. Es wurde jedoch auch ein gemeinsamer Faktor identifiziert, der essenziell für die jeweilige Pathogenität ist – das Typ III-Sekretionssystem (T3S).

Das T3S-System erlaubt es extrazellulär lokalisierten Bakterien, bakterielle Effektorproteine in das Zytoplasma der Zielzelle zu transportieren, um dort Wirtszellprozesse zu modulieren. Auch phytopathogene Bakterien verfügen über ein T3S-System. Das in unserem Labor studierte Modell, *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*, ist der Erreger der bakteriellen Fleckenkrankheit auf Tomate und Paprika, die in den feuchtwarmen Anbaubereichen erhebliche Ernteaufschläge verursacht.

Im Gegensatz zu tierpathogenen Bakterien sind Pflanzenpathogene mit einer bis zu 500 nm dicken pflanzlichen Zellwand kon-

frontiert. Wie können Effektorproteine über eine solche Distanz transportiert werden? Wir konnten zeigen, dass *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* an der Zelloberfläche filamentöse Strukturen bildet, die Hrp-Pili, deren Hauptuntereinheit (Hrp-Pilin) HrpE darstellt^[1]. Die Untersuchung einer nicht-polaren *hrpE*-Mutante zeigte, dass der Hrp-Pilus für die Translokation von Typ III-Effektoren essenziell ist^[1]. Sequenzhomologe wurden bisher nur in anderen Xanthomonaden identifiziert. Mittels *Linkerscanning*-Mutagenese und translationaler Reporterprotein-Fusionen wurden zwei funktionelle Protein-Domänen identifiziert – eine variable, oberflächenexponierte Domäne und eine hochkonservierte, C-terminale Polymerisationsdomäne^[2]. Das Sekretionssignal von HrpE, das selbst T3S-abhängig sekretiert wird, wurde im N-Terminus lokalisiert. Der Vergleich mit den Hrp-Pilinen anderer Pflanzenpathogene zeigte, dass trotz Abwesenheit signifikanter Sequenzhomologie alle Hrp-Pilinen eine ähnliche Architektur besitzen^[2].

Um die evolutionären Einflüsse auf HrpE zu untersuchen, sequenzierten wir weitere 21 *hrpE*-Allele (Haplotypen). Deren Analyse belegte, dass die N-terminale Proteindomäne dem Einfluss der Sequenz-Diversifikation unterliegt, während der C-Terminus unter einem die Sequenz bewahrenden Evolutionsdruck steht^[3]. Wir vermuten, dass bevor-

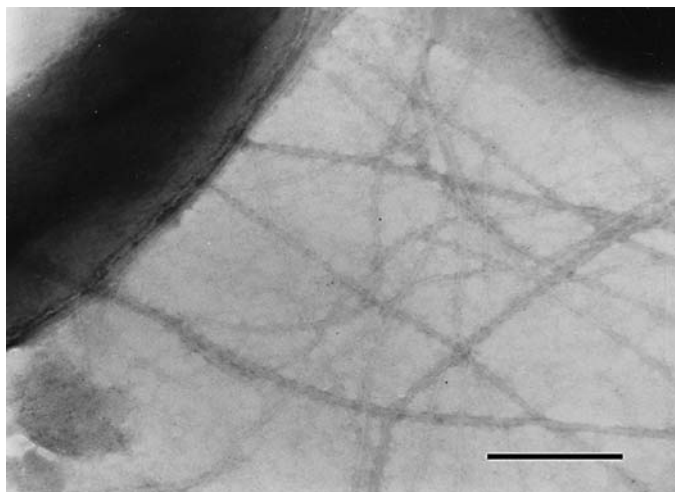
zugt die an der Oberfläche des Hrp-Pilus gelegenen Sequenzbereiche variieren, um so der Erkennung durch pflanzliche Abwehrsysteme zu entgehen. Der Sequenzvergleich der HrpE-Varianten zeigte neben dem nahezu identischen C-Terminus ein weiteres konserviertes Muster, das im N-Terminus lokalisiert ist. Dieses Muster ist nahezu deckungsgleich mit dem identifizierten Sekretionssignal von HrpE und legte eine amphipathische Alpha-helix als HrpE-Sekretionssignal nahe^[3]. ■

Literatur

- [1] Weber, E., Ojanen-Reuhs, T., Huguët, E., Hause, G., Romantschuk, M., Korhonen, T. K., Bonas, U., Koebnik, R. (2005): The type III-dependent Hrp pilus is required for productive interaction of *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* with pepper host plants. *J. Bacteriol.* 187: 2458–2468.
 [2] Weber, E., Koebnik, R. (2005): Domain structure of HrpE, the Hrp pilus subunit of *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*. *J. Bacteriol.* 187: 6175–6186.
 [3] Weber, E., Koebnik, R. (2006): Positive selection of the Hrp pilin HrpE of the plant pathogen *Xanthomonas*. *J. Bacteriol.* 188: 1405–1410.

Korrespondenzadresse:

Ernst Weber
 MRC Laboratory of Molecular Biology
 Hills Road
 Cambridge CB2 2QH
 Tel.: +44 (0) 1223-402290
 Fax: +44 (0) 1223-412142
 ew@mrc-lmb.cam.ac.uk
 www.mrc-lmb.cam.ac.uk



◀ **Abb. 1:** Elektronenmikroskopische Aufnahme der Hrp-Pili von *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*. Der Balken entspricht 200 nm.



Die weiteren VAAM-Promotionspreise erhielten H. Joel Defeu Soufo (li., AG Peter Graumann, Freiburg) und Sven Halbedel (AG Jörg Stülke, Göttingen), deren Beiträge in den nächsten *BIOspektrum*-Ausgaben vorgestellt werden. Sponsoren des Posterpreises 2007 waren die Firmen: BASF, Bayer Schering, Degussa, Lonza, New England Biolabs und Sanofi-Aventis.