

**Martin Pilhofer**

Jahrgang 1980. 1999–2004 Biologiestudium an der Universität Bayreuth und an der Technischen Universität München. 2004–2008 Doktorarbeit bei Prof. Dr. Schleifer am Lehrstuhl für Mikrobiologie der Technischen Universität München. Seit 2008 Postdoc bei

Prof. Dr. Jensen am California Institute of Technology, Pasadena, USA.

## VAAM-Promotionspreis 2009

# Bakterielle Tubuline und Zellteilung in *Prostheco bacter*

MARTIN PILHOFER

HOWARD HUGHES MEDICAL INSTITUTE, DIVISION OF BIOLOGY, CALIFORNIA INSTITUTE OF TECHNOLOGY, PASADENA, USA

■ Tubuline galten lange Zeit als typische eukaryotische Merkmale. Das zu Tubulin homologe Protein FtsZ kommt in nahezu allen Bakterien vor und ist der wichtigste Baustein des am Septum lokalisierten Zellteilungsrings. Die Genomsequenz eines Vertreters der bakteriellen Gattung *Prostheco bacter* (Phylum *Verrucomicrobia*) weist jedoch nicht das Gen *ftsZ* auf. Gleichzeitig wurden in dieser und in anderen *Prostheco bacter*-Arten aber Gene mit höherer Ähnlichkeit zu eukaryotischen Tubulinen als zu bakteriellem *ftsZ* entdeckt.

Auf diesen Beobachtungen basierte die Annahme, dass *Verrucomicrobia* grundsätzlich kein *ftsZ* besitzen und dass FtsZ funktionell durch die neuartigen bakteriellen Tubuline BtubA und BtubB ersetzt wurde [1].

Außer in *Prostheco bacter* konnten wir jedoch keine *btub*-Gene in anderen *Verrucomicrobia* nachweisen. Unerwarteterweise identifizierten wir aber *ftsZ*-Gene in *Prostheco bacter*-Stämmen (Abb. 1). Diese Koexistenz von bakteriellem FtsZ und eukaryotischen Tubulinen in *Prostheco bacter* stellt einen bemerkenswerten Sonderfall im Reich der Bakterien dar [2]. Auch in Vertretern aller anderen *verrucomicrobiellen* Subdivisionen wurden *ftsZ* und weitere Gene des konser-

vierten Zellteilungsgenclusters identifiziert (Abb. 1). Trotz erheblicher Unterschiede zu bekannten *ftsZ*-Genen deuten die Sequenz- und Transkriptionsanalysen darauf hin, dass *verrucomicrobielles* *ftsZ* phylogenetisch konserviert und funktionell ist. Folglich kann ein auf FtsZ basierender Zellteilungsmechanismus für *Verrucomicrobia* vorgeschlagen werden.

Den nächsten Verwandten von *Verrucomicrobia* – Chlamydien und Planctomyzeten – fehlt das *ftsZ*-Gen (Abb. 1). Der Vergleich der Struktur des Zellteilungsgenclusters von *Verrucomicrobia*, Chlamydien und Planctomyzeten lässt darauf schließen, dass der letzte gemeinsame Vorfahre der genannten Phyla einen auf FtsZ basierenden Zellteilungsmechanismus aufwies, der wiederum unabhängig voneinander in Chlamydien und Planctomyzeten durch einen unbekannt Mechanismus ersetzt wurde [3].

Weitere Studien der *Prostheco bacter*-Tubuline sollten Aufschluss über ihren Ursprung und ihre Funktionalität liefern. Mit einer neu entwickelten *gene walking*-Methode wurde die genomische Anordnung der *btub*-Gene untersucht. *BtubA* und *btubB* sind immer zusammen mit einem bakteriellen *kinesin light chain*-ähnlichen Gen in einem typischen

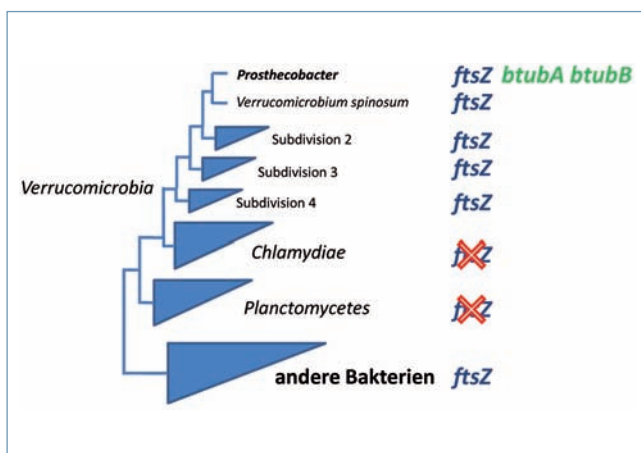
bakteriellen Operon organisiert [4]. Die phylogenetischen Analysen sowie die genomische Anordnung deuten auf horizontalen Gentransfer als Ursprung der *Prostheco bacter*-Tubuline hin. RT-PCR und Western-Hybridisierungen wiesen die Transkription und Expression aller Gene des *btub*-Operons in *Prostheco bacter* nach. Die Untersuchung von rekombinanten *Escherichia coli*-Zellen lieferte Hinweise, dass bakterielle Tubuline *in vivo* polymerisieren und Protofilamente ausbilden können. Es scheint somit sehr wahrscheinlich, dass die Tubulin-Gene in *Prostheco bacter* funktionell sind. Neue elektronenmikroskopische Methoden zur Aufklärung bakterieller Ultrastrukturen liefern hoffentlich bald Aufschluss über die genaue Lokalisierung, Struktur und Funktion der bakteriellen Tubuline in *Prostheco bacter*. ■

## Literatur

- [1] Jenkins C, Samudrala R, Anderson I, Hedlund BP, Petroni G, Michailova N, Pinel N, Overbeek R, Rosati G, Staley JT (2002) Genes for the cytoskeletal protein tubulin in the bacterial genus *Prostheco bacter*. *Proc Natl Acad Sci USA* 99:17049–17054.
- [2] Pilhofer M, Rosati G, Ludwig W, Schleifer KH, Petroni G (2007) Coexistence of tubulins and *ftsZ* in different *Prostheco bacter* species. *Mol Biol Evol* 24:1439–1442.
- [3] Pilhofer M, Rappal K, Eckl C, Bauer AP, Ludwig W, Schleifer KH, Petroni G (2008) Characterization and evolution of cell division and cell wall synthesis genes in the bacterial phyla *Verrucomicrobia*, *Lentisphaerae*, *Chlamydiae*, and *Planctomycetes* and phylogenetic comparison with rRNA genes. *J Bacteriol* 190:3192–3202.
- [4] Pilhofer M, Bauer AP, Schrällhammer M, Richter L, Ludwig W, Schleifer KH, Petroni G (2007) Characterization of bacterial operons consisting of two tubulins and a kinesin-like gene by the novel Two-Step Gene Walking method. *Nucleic Acids Res* 35: e135.

## Korrespondenzadresse:

Dr. Martin Pilhofer  
Howard Hughes Medical Institute  
Division of Biology  
California Institute of Technology  
M/C 114–96  
1200 E. California Blvd.  
Pasadena, CA 91125, USA  
Tel.: +1-(0)626-325-4909  
Fax: +1-(0)626-395-5730  
martin-pilhofer@web.de



◀ **Abb. 1:** Koexistenz von Tubulin-Homologen in *Prostheco bacter*. Der schematische phylogenetische Stammbaum (basierend auf ribosomalen RNS-Sequenzanalysen) zeigt die Verwandtschaft der Phyla *Verrucomicrobia*, *Chlamydiae* und *Planctomycetes* sowie die Präsenz bzw. Abwesenheit von *ftsZ*- und bakteriellen Tubulin-Genen (*btubA*, *btubB*).