



Pressemitteilung 03.06.2011

Anja Konschak
Öffentlichkeitsarbeit

Tel: +49-(89) 8578-2824
Fax: +49-(89) 8578-2943
konschak@biochem.mpg.de
www.biochem.mpg.de

Bakterieller Kreisverkehr vermittelt Zellform

Max-Planck-Forscher entschlüsseln wichtige Mechanismen der bakteriellen Zellwandsynthese

Fast alle Bakterien verdanken ihre Struktur einer äußeren Zellwand, die eng mit dem Stützprotein MreB im Zellinneren interagiert. Wie Forscher am Max-Planck-Institut für Biochemie und am französischen INRA nun zeigen konnten, entstehen dabei größere Einheiten aus MreB-Molekülen, nicht aber – wie bisher vermutet – komplexe Spiralstrukturen. Die kreisförmige Bewegung dieser MreB-Einheiten an der Innenseite der Zellmembran wird durch die Zellwandsynthese erzeugt, die selbst wiederum auf das Stützprotein angewiesen ist. Diese in Bakterien wohl weitverbreitete Interaktion könnte neue Therapiewege eröffnen. Schon jetzt ist die bakterielle Zellwand Angriffspunkt vieler Antibiotika. (*Science*, 3. Juni 2011)

Auch Zellen müssen ihre Form wahren: Dafür sorgen in höheren Organismen die stützenden Strukturen des Zytoskeletts mit Bestandteilen wie dem Aktin-Protein. In den viel kleineren Bakterien finden sich ähnliche Strukturen, darunter das dem Aktin verwandte Protein MreB. Bislang glaubten Wissenschaftler, dieses Molekül bilde spiralförmige Strukturen entlang der Innenseite der Zellmembran aus, die als Gerüst für die vergleichsweise starre Zellwand dienen.

Mithilfe innovativer bildgebender Verfahren wie der Fluoreszenzmikroskopie konnten die Forscher nun im Labor von Roland Wedlich-Söldner nachweisen, dass MreB keine derart hoch geordneten Strukturen ausbildet – und doch sehr viel komplexer vernetzt ist, als sie bisher angenommen hatten. „MreB-Moleküle schließen sich zu größeren Einheiten, den ‚Patches‘, zusammen. Diese bewegen sich kreisförmig an der Innenseite der Zellmembran, ohne aber einer festen Richtung zu folgen“, erklärt Julia Domínguez-Escobar, Doktorandin am Max-Planck-Institut für Biochemie.

Unerwartet war vor allem die Erkenntnis, dass die Bewegung des Stützproteins auf eine funktionierende Zellwand angewiesen ist. Denn die MreB-Strukturen bewegen sich nicht eigenständig, sondern werden im Zuge der Neubildung von Zellwandmaterial entlang der bakteriellen Hülle „mitgezogen“. Die MreB-Patches befinden sich an der Innenseite, die Zellwand dagegen an der Außenseite der Zellmembran. Die Interaktion erfolgt daher vermutlich über Moleküle, welche die Zellmembran durchspannen. Diese molekularen Verbindungsstücke koppeln den Einbau des neu gebildeten Zellwandmaterials mit den MreB-Strukturen, die somit in ihrer Bewegung den ständig wachsenden Zellwandstrukturen folgen.



Viele Bestandteile der Zellwand sind in Bakterien fast universell vertreten, sodass der neu entdeckte Mechanismus wohl ebenfalls weit verbreitet ist. Die Ergebnisse könnten somit für die weitere Erforschung von bakteriellen Zellen, aber auch für die Medizin eine wichtige Rolle spielen: „Schon jetzt ist die Zellwandsynthese ein zentraler Angriffspunkt für Antibiotika. Neue Einblicke in den Aufbau der Zellwand könnten dringend benötigte therapeutische Alternativen eröffnen“, hofft Wedlich-Söldner. [SW, UD]

Originalveröffentlichung:

Julia Domínguez-Escobar, Arnaud Chastanet, Alvaro H. Crevenna, Vincent Fromion, Roland Wedlich-Söldner* und Rut Carballido-López* (2011): Processive movement of MreB-associated cell wall biosynthetic complexes in bacteria. *Science*, 03. Juni 2011.

* Equal contribution

Kontakt:

Dr. Roland Wedlich-Söldner
Zelluläre Dynamik und Musterbildung
Max-Planck-Institut für Biochemie
Am Klopferspitz 18
82152 Martinsried
E-Mail: wedlich@biochem.mpg.de

Dr. Rut Carballido-López
UMR1319 Micalis
Bat. Biotechnologie (440)
I.N.R.A., Domaine de Vilvert
78352 Jouy-en-Josas Cedex, France
E-Mail: rut.carballido-lopez@jouy.inra.fr

Anja Konschak
Öffentlichkeitsarbeit
Max-Planck-Institut für Biochemie
Am Klopferspitz 18
82152 Martinsried
Tel. +49 89 8578-2824
E-Mail: konschak@biochem.mpg.de
www.biochem.mpg.de