

**Cornelia Welte**

Jahrgang 1984. 2003–2008 Biologiestudium an der Universität Bonn und der Lunds Universität, Schweden. 2008–2011 Promotion am Institut für Mikrobiologie und Biotechnologie in Bonn bei Prof. Dr. U. Deppenmeier, dort seit 2011 Postdoc.

DOI: 10.1007/s12268-012-0208-6  
© Springer-Verlag 2012

■ Methan ist ein potentes Treibhausgas, das aber auch zur regenerativen Energiegewinnung genutzt wird. Ein Großteil der biologischen Methanemission ist auf Acetat-abbauende methanogene Archaeen zurückzuführen. Entgegen der großen Diversität der Mikroorganismenwelt wurde diese Stoffwechseleigenschaft bislang nur in zwei Gattungen gefunden, *Methanosarcina* und *Methanosaeta*. In der Methanogenese mit Acetat als Substrat bilden sie neben Methan auch reduziertes Ferredoxin und Heterodisulfid. Das Recycling dieser beiden Produkte innerhalb der Zelle erfolgt über eine membrangebundene Atmungskette, die in *Methanosarcina*-Arten gut, in *Methanosaeta*-Arten kaum untersucht ist. *Methanosarcina mazei* nutzt für die Ferredoxinoxidation eine Hydrogenase (Ech). Der in dieser Reaktion produzierte Wasserstoff diffundiert von der Innenseite der Membran auf die Außenseite und wird dort von einer zweiten Hydrogenase oxidiert, die so Protonen im extrazellulären Raum freisetzt. Die Elektronen werden über ein membranlösliches Phenazinderivat auf die terminale Reduktase übertragen, die das Heterodisulfid reduziert und ebenfalls Protonen in den extrazellulären Raum entlässt. Damit stellte bis vor Kurzem die Ech-Hydrogenase das letzte Glied der Atmungskette dar, für das eine Ionentranslokation und somit eine Beteiligung an der Energiekonservierung zwar postuliert, aber nicht biochemisch belegt war. Die

**VAAM-Promotionspreis 2012****Acetat-abbauende methanogene Archaeen – Neues aus der Atmungskette**

CORNELIA WELTE

INSTITUT FÜR MIKROBIOLOGIE UND BIOTECHNOLOGIE, UNIVERSITÄT BONN

Entwicklung eines enzymatischen Systems zur Ferredoxinreduktion [1, 2] ermöglichte es schließlich, Ferredoxin-abhängige Ionentranslokation an invertierten Membranvesikeln zu messen und so zu zeigen, dass auch die Ech-Hydrogenase an der Etablierung eines Ionengradienten beteiligt ist [3]. Die Ech-Hydrogenase bildet demnach eine neue Kopplungsstelle im methanogenen Stoffwechsel (**Abb. 1**), die im Zuge der Ferredoxinoxidation Protonen in den extrazellulären Raum pumpt und so zur Energetisierung der Zytoplasmamembran beiträgt.

*Methanosaeta*-Arten hingegen besitzen keine Hydrogenasen und können daher nicht den beschriebenen Weg zur Ferredoxinoxidation nutzen. Membranfraktionen von *Methanosaeta thermophila* zeigen allerdings hohe Aktivitäten der Atmungskette Acetat-abbauender Methanogener, der Ferredoxin:Heterodisulfid-Oxidoreduktase [4]. Die Frage ist nun: Welches ist das Ferredoxin-oxidierende Enzym?

Analysiert man die bis jetzt sequenzierten *Methanosaeta*-Genome, so fällt auf, dass sich in allen Genomen Gene finden, die für eine  $F_{420}H_2$ -Dehydrogenase codieren. Dieses Enzym ist eigentlich an der methylo-trophen Methanogenese beteiligt und sorgt dort für die Oxidation des Kofaktors  $F_{420}H_2$ . *Methanosaeta*-Arten sind allerdings nicht in der Lage, auf methylierten Verbindungen zu wachsen, und erwartungsgemäß kann die

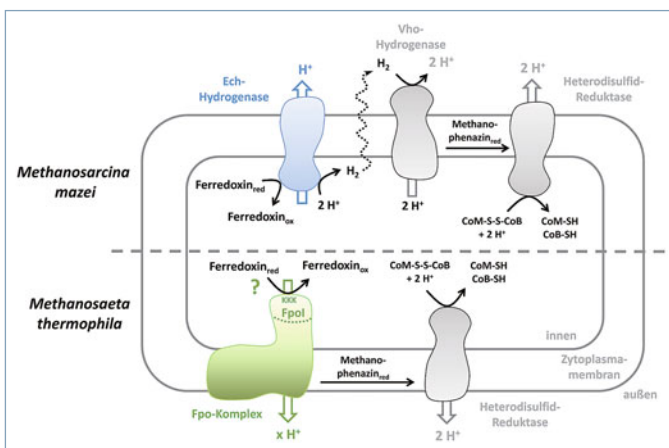
$F_{420}H_2$ -Dehydrogenase codieren, stark exprimiert (unveröffentlicht). Versucht man, über Datenbankvergleiche einen anderen Elektronendonator mit der  $F_{420}H_2$ -Dehydrogenase zu verknüpfen, so fällt auf, dass die  $F_{420}H_2$ -Dehydrogenase große Ähnlichkeit zur NADH-Dehydrogenase der aeroben Atmungskette aufweist. Interessanterweise fehlen im Genom von *Methanosaeta*-Arten Gene, die für die Module der NADH- und  $F_{420}H_2$ -Oxidation codieren. Stattdessen ist eines der hydrophilen Proteine der  $F_{420}H_2$ -Dehydrogenase C-terminal mit einer Lysin-reichen Sequenz verlängert. Diese ist bei physiologischem pH positiv geladen und könnte somit gut mit dem negativ geladenen Elektronenüberträger Ferredoxin interagieren (**Abb. 1**). In *Methanosaeta*-Stämmen könnte also die ungewöhnliche „ $F_{420}H_2$ /NADH“-Dehydrogenase das gesuchte Ferredoxin-oxidierende Enzym der Atmungskette sein. ■

**Literatur**

- [1] Welte C, Deppenmeier U (2012) Protonen-Translokation in Methanogenen. *BIOspektrum* 2:159–161
- [2] Welte C, Kallnik V, Grapp M et al. (2010) Function of Ech hydrogenase in ferredoxin-dependent, membrane-bound electron transport in *Methanosarcina mazei*. *J Bacteriol* 192:674–678
- [3] Welte C, Krätzer C, Deppenmeier U (2010) Involvement of Ech hydrogenase in energy conservation of *Methanosarcina mazei*. *FEBS J* 277:3396–3403
- [4] Welte C, Deppenmeier U (2011) Membrane-bound electron transport in *Methanosaeta thermophila*. *J Bacteriol* 193:2686–2670

**Korrespondenzadresse:**

Dr. Cornelia Welte  
Institut für Mikrobiologie und Biotechnologie  
Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn  
Meckenheimer Allee 168  
D-53115 Bonn  
Tel.: 0228-733155  
cwelte@uni-bonn.de



◀ **Abb. 1:** Schema der Atmungsketten von *Methanosarcina mazei* (oben) und *Methanosaeta thermophila* (unten) beim Wachstum auf Acetat. Elektronen werden über reduziertes Ferredoxin (Ferredoxin<sub>red</sub>) in die Atmungsketten eingeschleust. *Ms. mazei* oxidiert Ferredoxin<sub>red</sub> über die Protonen-translozierende Ech-Hydrogenase. *Mt. thermophila* könnte hierfür die  $F_{420}H_2$ -Dehydrogenase (Fpo-Komplex) mit der Untereinheit Fpol und deren Lysin-reichen C-Terminus (KKK) als Elektroneneintrittsstelle nutzen.