

**Volker Winstel**

2004–2010 Biologiestudium an den Universitäten Karlsruhe und Tübingen. 2010–2013 Doktorarbeit am Interfakultären Institut für Mikrobiologie und Infektionsmedizin (IMIT), Universität Tübingen, in der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. A. Peschel. Seit 2013 Postdoc am IMIT, Universität Tübingen.

**VAAM-Promotionspreis 2014****Süßes steuert Austausch von Resistenz- und Virulenzgenen**

VOLKER WINSTEL

INTERFAKULTÄRES INSTITUT FÜR MIKROBIOLOGIE UND INFEKTIONSMEZIN  
TÜBINGEN (IMIT), UNIVERSITÄT TÜBINGEN

DOI: 10.1007/s12268-015-0547-1  
© Springer-Verlag 2015

■ *Staphylococcus aureus* ist einer der häufigsten Erreger von Wund- und Weichteilinfektionen beim Menschen. Solche Infektionen können sich schnell zu lebensbedrohlichen Blutvergiftungen entwickeln und stellen in der Infektionsmedizin ein großes Problem dar. Ständig entstehen neue multiresistente Keime, die sich schnell etablieren und weltweit ausbreiten. Interessanterweise stammen viele der Resistenz- und Virulenzgene in *S. aureus* vermutlich von anderen Bakterienarten ab.

Die Fähigkeit von *S. aureus*, genetisches Material unter Selektionsdruck effizient und schnell austauschen zu können, begünstigt die Entstehung multiresistenter und hoch-

virulenter Klone. Entscheidend für den Gentransfer sind die von *S. aureus* und vielen anderen Gram-positiven Bakterien gebildeten Wandteichonsäuren (WTA). Dabei handelt es sich um mit variablen Zuckern versehene Zellwand-verankerte Oberflächenpolymere, die die Bindung und den Infektionsprozess von bakteriellen Viren (Bakteriophagen) ermöglichen. So nutzen die meisten Bakteriophagen die glykosylierten Seitenketten der WTA als Rezeptoren, was die Grundlage für den Erbguttransfer unter verschiedenen *S. aureus*-Klonen darstellt und die Ausbreitung von Resistenz- und Virulenzgenen beschleunigt (Abb. 1, [1]).

Erstaunlicherweise gelingt es Bakteriophagen sogar, Erbgut über die Verwandtschaftsgrenzen hinaus zu transferieren, vor-

ausgesetzt DNA-Donor- und Empfängerbakterium synthetisieren eine ähnlich aufgebaute WTA [1]. Dies ermöglicht es *S. aureus*, mit anderen Erregern wie *Staphylococcus epidermidis* oder *Listeria monocytogenes* DNA auszutauschen, obwohl sich die Bakteriophagen im Empfängerbakterium nicht mehr vermehren können. Unterschiedliche WTA hingegen blockieren die genetische Kommunikation zwischen Gram-positiven Bakterien, so z. B. zwischen *S. aureus* und Vancomycin-resistenten Enterokokken (Abb. 1, [1]).

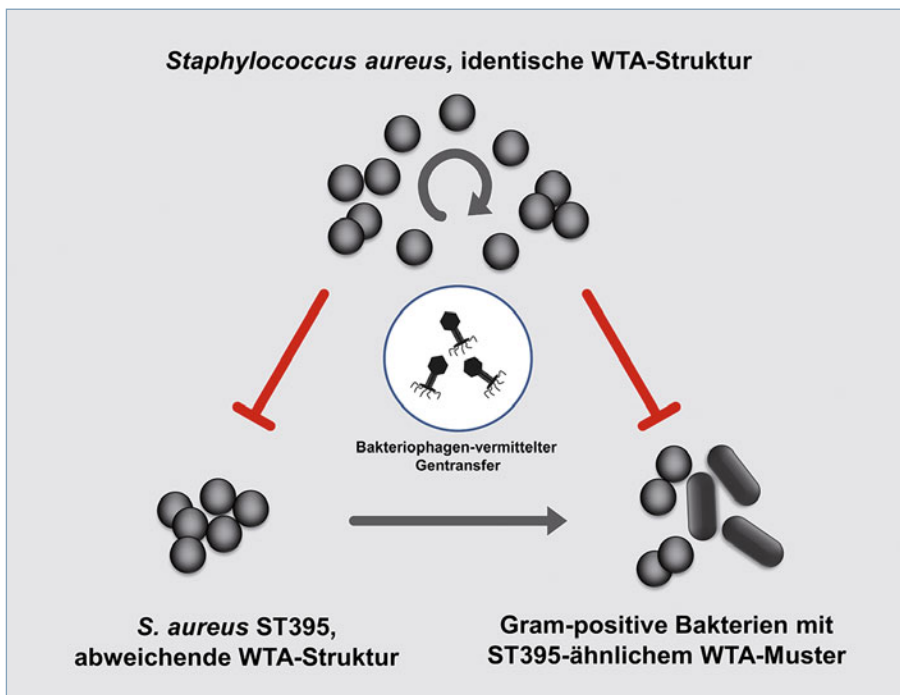
Obwohl die meisten Gram-positiven Bakterien WTA synthetisieren, treten selbst innerhalb der gleichen bakteriellen Spezies strukturelle Unterschiede auf. *S. aureus*-Klone des Sequenztyps ST395 synthetisieren eine für *S. aureus* unübliche WTA, die strukturell derjenigen der Koagulase-negativen Staphylokokken (KoNS) ähnelt [1, 2]. Ein Bakteriophagen-vermittelter Genaustausch mit global verbreiteten *S. aureus*-Linien ist ST395-Klonen deshalb nicht mehr möglich (Abb. 1, [1, 2]). Vielmehr haben sich ST395-Klone im Laufe der Evolution von gewöhnlichen *S. aureus*-Linien phylogenetisch abgekoppelt und tauschen aufgrund des ähnlichen WTA-Musters vermehrt genetisches Material mit KoNS aus, was die Schlüsselrolle der WTA hinsichtlich bakterieller Evolution unterstreicht [1, 2]. ■

**Literatur**

- [1] Winstel V, Liang C, Sanchez-Carballo et al. (2013) Wall teichoic acid structure governs horizontal gene transfer between major bacterial pathogens. *Nat Commun* 4:2345  
[2] Winstel V, Sanchez-Carballo P, Holst O et al. (2014) Biosynthesis of the unique wall teichoic acid of *Staphylococcus aureus* lineage ST395. *MBio* 5:e00869

**Korrespondenzadresse:**

Dr. Volker Winstel  
Interfakultäres Institut für Mikrobiologie und Infektionsmedizin (IMIT)  
Universität Tübingen  
Elfriede-Aulhorn-Straße 6  
D-72076 Tübingen  
Tel.: 07071-2981514  
Fax: 07071-294758  
volker.winstel@med.uni-tuebingen.de



▲ Bakteriophagen-vermittelter Gentransfer zwischen Gram-positiven Bakterien. Strukturell ähnliche Wandteichonsäuren (WTA) ermöglichen den Viren-gesteuerten Genaustausch unter weit verbreiteten *Staphylococcus aureus*-Klonen sowie zwischen ST395-Klonen und anderen Gram-positiven Bakterien wie Koagulase-negativen Staphylokokken (graue Pfeile). Abweichende WTA-Muster verhindern hingegen den Erbguttransfer (rote Sperrpfeile).