

Cross-feeding während der Ausbreitung auf Oberflächen

DOI: 10.1007/s12268-024-2098-9
© Springer-Verlag GmbH 2024

Bakterien in einer Population derselben Spezies sind genetisch identisch, dennoch unterscheiden sie sich phänotypisch und metabolisch. Die Kombination von adaptiver Mikroskopie mit transkriptomischer und metabolomischer Charakterisierung ermöglicht die genaue Untersuchung bemerkenswerter Heterogenitäten in bakteriellen Populationen auf Oberflächen.

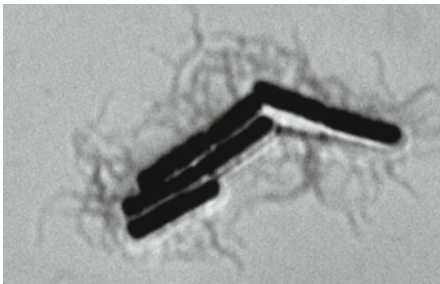


Abb.: Hyperflagellierte *Bacillus subtilis*-Zellen aus einer Schwarmpopulation. Foto: AG Kovács.

■ Bewegliche Bakterien können mithilfe langer Filamente, den Geißeln, schwimmen. Diese rotieren und erzeugen eine treibende Kraft, welche die Bakterienzelle durch die umgebende Flüssigkeit bewegt. Darüber hinaus können bestimmte Gruppen von Bakterien, einschließlich des Gram-positiven Bodenbakteriums *Bacillus subtilis*, diese Geißeln nutzen, um sich in Zellgruppen, den Schwärmen, zu bewegen. Hierbei agieren die Zellen in rafts („Flößen“), wobei Biotensidmoleküle die Bewegung erleichtern.

Ein Team hat nun eine bemerkenswerte Komplexität innerhalb von Schwarmpopulationen entdeckt. Hannah Jeckel et al. (Nat Microbiol (2023) 8:2378-2391) verwendeten einen speziell angefertigten robotergesteuerten Probenarm, der mittels adaptiver Mikroskopie Proben sammelt, um die globalen transkriptionalen Variationen in verschiedenen Phasen des Schwärmens zu analysieren. Sie identifizierten sechs Gen-Cluster mit unterschiedlichen raumzeitlichen Expressions-

mustern, darunter eine metabolische Differenzierung. An der Schwarmfront ist die Aufnahme und Verwertung von Malat vorherrschend, während der Tricarbonsäurezyklus im späten Schwarmzentrum aktiv ist, was auf eine raumzeitliche Kreuzfütterung hinweist, die durch ein raumzeitliches Metabolom bestätigt wurde.

→ *Obwohl die Arbeit eine bemerkenswerte Heterogenität der zellulären Differenzierung und des Stoffwechsels in Schwarmpopulationen aufzeigt, könnten zukünftige Entwicklungen in der Einzelzell-Sequenzierungstechnologie eine noch feinere Auflösung der Zell-zu-Zell-Heterogenität bieten. Es wird auch interessant sein, die Technologie auf Einzel- und Multi-Spezies-Biofilme über längere Zeiträume anzuwenden, um potenzielle rhythmische Prozesse zu erkennen.*

**Ákos T. Kovács, Universität Leiden,
a.t.kovacs@biology.leidenuniv.nl,
und Heiko T. Kiesevalter,
Universität Kopenhagen,
heiko.kiesevalter@bio.ku.dk ■**