Katharina Kohm
2014–2018 B. Sc. pharmazeutischen Biotechnologie, Hochschule Biberach. **2018–2020** M. Sc. Life Science, Universität Göttingen. **2021–2024** Promotion bei Prof. Dr. F. M. Commichau (Molekulare Mikrobiologie) an der Universität Hohenheim. Seit **2024** PostDoc in selbiger Gruppe.

VAAM-Promotionspreis 2025

Hitze als Schlüssel zur Aufklärung der Lysogenie beim SPβ-Phagen

KATHARINA KOHM
INSTITUT BIOLOGIE, UNIVERSITÄT HOHENHEIM

DOI: 10.1007/s12268-025-2455-3
© The Author(s) 2025

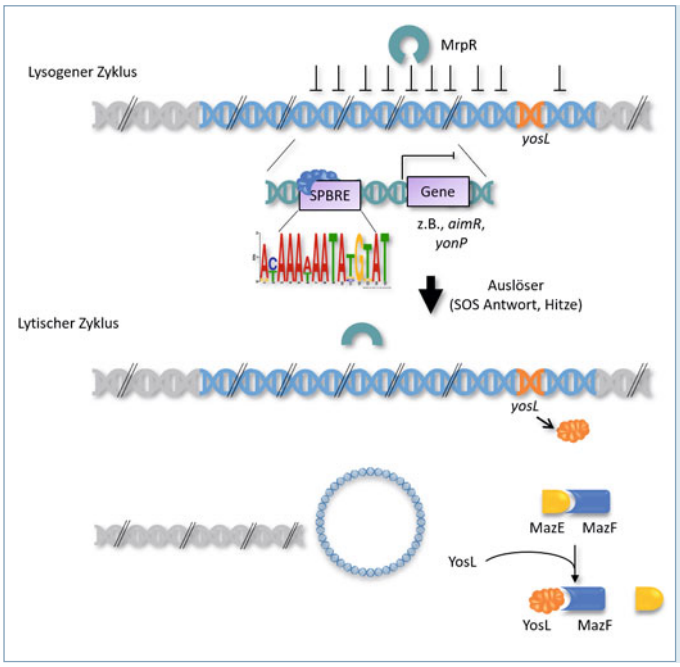
■ Bakteriophagen sind als intrazelluläre Parasiten auf die Stoffwechselprozesse ihrer bakteriellen Wirte angewiesen. Im lytischen Zyklus werden neue Viruspartikel gebildet, was mit der Lyse der Wirtszelle einhergeht. Im lysogenen Zyklus wird nur das genetische Material des Phagen repliziert und anschließend an die Tochterzellen weitergegeben [1]. Der lysogene Zustand wird durch die Repression lytischer Gene aufrechterhalten. Diese Repression erfolgt in der Regel durch die Wechselwirkung zwischen einem Repressor und spezifischen Bindestellen. Da Prophagen eine entscheidende Rolle in der Ökologie, Physiologie und Evolution ihrer Wirte spielen, gilt es zu verstehen, wie sie ihren lysogenen Lebenszyklus steuern und welche Gene daran beteiligt sind [2].

Der lysogene Phage SPβ infiziert das Modellbakterium *Bacillus subtilis* und befindet sich als Prophage in dessen Genom. Viele Aspekte seines Lebenszyklus sind kaum untersucht. Seit kurzem ist bekannt, dass SPβ-ähnliche Phagen ein neuartiges Peptid-basiertes Kommunikationssystem besitzen, das an der Entscheidung, Etablierung und Auflösung der Lysogenie beteiligt ist [1].

In meiner Arbeit habe ich mich mit der bis dato noch nicht erforschten Aufrechterhaltung der Lysogenie von SPβ beschäftigt. Um mehr Einblicke in die Regulation und Steuerung der Lysogenie zu erhalten, untersuchte und charakterisierte ich die SPβ-c2-Mutante. Der lysogene Zustand der Mutante kann mittels Hitzeschock aufgehoben werden, was auf eine Veränderung eines zentralen regulatorischen Elements schließen lässt. Ich habe gezeigt, dass der SPβ-c2-Phänotyp auf einen einzelnen Nukleotidaustausch im *mrpR*-Gen zurückzuführen ist, der zu einer Temperatursensibilität führt. Darüber hinaus konnte ich nachweisen, dass dieses Protein als Repressor der lytischen Genexpression fungiert. Dies geschieht durch die Bindung des Repressors an das konservierte Element SPB-RE. Unsere strukturelle Charakterisierung hat ergeben, dass MrpR eine Proteinfaltung ähnlich wie Tyrosin-Rekombinasen aufweist. Dabei ist MrpR der erste beschriebene Phagenrepressor mit solch einer Struktur [3].

Im Weiteren machte ich mir zunutze, dass der lytische Zyklus mittels Hitze induzierbar ist und hitzeunempfindliche Suppressoren isoliert. Dadurch identifizierte ich das YosL-Protein als weiteren Akteur des Lysogenie-Management-Systems. YosL ist für die Induktion des lytischen Zyklus entscheidend, kann jedoch den lytischen Zyklus von SPβ allein nicht aktivieren [3].

SPβ eignet sich hervorragend als neues Modellsystem, da sich der Phage in vielen Aspekten vom bestuntersuchten Phagen Lambda unterschiedet.



◀ **Abb. 1:** MrpR ist der Repressor des SPβ-Phagen. Seine Bindung an das SPB-RE-Element unterdrückt die Expression nachgeschalteter Gene – der Phage ist inaktiv. Löst sich MrpR, erfolgt die Genexpression. Dabei muss YosL exprimiert werden, um den Phagen aus dem Wirtsgenom auszuschneiden. Zusätzlich hemmt YosL die RNase MazF des MazF-MazE-Toxin-Antitoxin-Systems und hält den Phagen im lytischen Zyklus [1].

Danksagung

Ich bedanke mich bei Fabian Commichau und Robert Hertel für die Hilfe und Unterstützung während meiner Promotion und darüber hinaus. Zudem danke ich den Mitgliedern der AG Commichau sowie allen Kollaborationspartnerinnen und -partnern, die zu meiner Forschung beigetragen haben. ■

Literatur

[1] Kohm K, von Clanner A, Hertel R et al. (2025). Closely related and yet special – how SPβ family phages control lysis–lysogeny decisions. Trends in Microbiol 33: 387–396
[2] Kohm K, Floccari VA, Lutz VT et al. (2022) The Bacillus phage SPβ and its relatives: a temperate phage model system reveals new strains, species, prophage integration loci, conserved proteins and lysogeny management components. Environ Microbiol 24: 2098–2118
[3] Kohm K, Jalomo-Kharyova E, Krüger A et al. (2023) Structural and functional characterization of MrpR, the master repressor of the Bacillus subtilis prophage SPβ. Nucleic Acids Res 51: 9452–9474

Funding note: Open Access funding enabled and organized by Projekt DEAL.
Open Access: Dieser Artikel wird unter der Creative Commons Namensnennung 4.0 International Lizenz veröffentlicht, welche die Nutzung, Vervielfältigung, Bearbeitung, Verbreitung und Wiedergabe in jeglichem Medium und Format erlaubt, sofern Sie den/die ursprünglichen Autor(en) und die Quelle ordnungsgemäß nennen, einen Link zur Creative Commons Lizenz beifügen und angeben, ob Änderungen vorgenommen wurden. Die in diesem Artikel enthaltenen Bilder und sonstiges Drittmaterial unterliegen ebenfalls der genannten Creative Commons Lizenz, sofern sich aus der Abbildungslegende nichts anderes ergibt. Sofern das betreffende Material nicht unter der genannten Creative Commons Lizenz steht und die betreffende Handlung nicht nach gesetzlichen Vorschriften erlaubt ist, ist für die oben aufgeführten Weiterverwendungen des Materials die Einwilligung des jeweiligen Rechteinhabers einzuholen. Weitere Details zur Lizenz entnehmen Sie bitte der Lizenzinformation auf http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.de.

Korrespondenzadresse:
Dr. Katharina Kohm
Institut Biologie
Universität Hohenheim
Garbenstraße 30
D-70599 Stuttgart
Katharina.kohm@uni-hohenheim.de