

Revolutionäre Methode in Würzburg: Genaktivität von Bakterien entschlüsselt!

Die JMU Würzburg entwickelt mit MATQ-seq eine innovative Methode zur Analyse der Genaktivität in Bakterienzellen, die internationale Forschungsgruppen unterstützen soll.



Würzburg, Deutschland - Eine bahnbrechende neue Methode zur Analyse der Genaktivität in Bakterienkolonien wurde an der Julius-Maximilians-Universität (JMU) Würzburg sowie am Helmholtz-Institut für RNA-basierte Infektionsforschung (HIRI) entwickelt. Die innovative Technik, bekannt als bakterielle MATQ-seq, stellt eine Variante der Einzelzell-Transkriptomik dar und zielt darauf ab, die Vielfalt innerhalb von Bakterienpopulationen besser zu verstehen, insbesondere bei Krankheitserregern. Nach Angaben der JMU bietet die Methode eine hohe Zell-Retentionsrate von 95%, was sie von bisherigen Protokollen abhebt, die Verlustraten von bis zu 70% aufweisen. Zudem

analysiert MATQ-seq die Aktivität von 300 bis 600 Genen pro Bakterienzelle.

Die Publikation dieser Forschungsarbeit im Journal *Nature Protocols* beinhaltet eine Schritt-für-Schritt-Anleitung zur Erstellung von Einzelbakterien-Transkriptomen und stellt somit eine wertvolle Ressource für Wissenschaftler dar, die sich mit der Analyse von Genexpression beschäftigen. Der gesamte Prozess zur Durchführung von MATQ-seq nimmt etwa fünf Tage in Anspruch und ist ideal für kleinere Proben von Hunderte von Zellen, während größere Proben mit Hunderttausenden bis Millionen von Zellen andere Protokolle erfordern, die allerdings höhere Verlustquoten und weniger erfasste Gene zur Folge haben.

Technologie und Zugänglichkeit

Im Zuge dieser Entwicklungen wurde das Center for Microbial Single-Cell RNA-seq (MICROSEQ) in Würzburg ins Leben gerufen. Diese Plattform zielt darauf ab, Technologien und Expertise für Forschungsgruppen weltweit zugänglich zu machen. MICROSEQ ist Teil des Würzburger Single-Cell Centers, das auch Transkriptomanalysen einzelner eukaryotischer Zellen anbietet. Die Forschungsteams verfolgen mit dieser Methodik nicht nur Ziele im Bereich der Grundlagenforschung, sondern auch anwendungsorientierte Forschungsprojekte, die einen direkten Einfluss auf das Verständnis von Infektionsmechanismen haben könnten.

Zusätzlich berichtet die Helmholtz-Gemeinschaft, dass die Einzelzell-RNA-Sequenzierung (scRNA-seq) Einblicke in die Genexpression und regulatorischen Netzwerke einzelner Zellen ermöglicht. Diese Technik wurde gemäß den Anforderungen und Herausforderungen der Mikrobeforschung optimiert. Es wurde festgestellt, dass das Verfahren robuster ist und eine verringerte Ausfallrate beim Ablesen genetischer Informationen aufweist. Vor dieser Verbesserung lieferten frühere Techniken wie die Massen-RNA-Sequenzierung nur Durchschnittswerte einer

Zellpopulation, wodurch Unterschiede zwischen einzelnen Bakterien nicht erfasst werden konnten.

Forschungsergebnisse und Herausforderungen

Die Forschungsarbeiten, geleitet von Jörg Vogel, Direktor des Instituts für Molekulare Infektionsbiologie und des HIRI, haben bereits Erfolge bei der Validierung der neuen Methode an Salmonellen unter verschiedenen Wachstumsbedingungen aufgezeigt. Mit dieser Technik ist es nun möglich, spezifische regulatorische kleine RNAs (sRNAs) auf Einzelzellebene nachzuweisen und die Phänotypische Heterogenität innerhalb einer Zellpopulation zu bestätigen.

Die Verbesserungen ermöglichen auch die Untersuchung von Zellaktivitäten im Normalzustand sowie Reaktionen auf Medikamente, was von entscheidender Bedeutung für die Entwicklung neuer therapeutischer Ansätze ist. Die Herausforderungen, insbesondere die kleinen Zellgrößen im Vergleich zu Eukaryoten, wurden durch adaptive Methoden zur Zellyse und Erfassung bakterieller Transkripte erfolgreich angegangen.

Durch diese Fortschritte wurde ein neues Kapitel in der Einzelzell-RNA-Sequenzierung eröffnet, das nicht nur den Zugang zu präziseren Daten ermöglicht, sondern auch die Forschung zur Adaptation von Bakterien an ihre Umgebung unterstützt. Die vollständigen Ergebnisse dieser Studie sind im Journal *mBio* veröffentlicht und könnten einen wesentlichen Beitrag zum Verständnis von Infektionsprozessen liefern.

Für interessierte Leser sind weitere Informationen über die Entwicklungen in dieser Forschungsrichtung in den entsprechenden wissenschaftlichen Artikeln und auf den Webseiten der beteiligten Institutionen zu finden. **Die JMU berichtet, dass** diese neue Methodik große Chancen für das Verständnis bakterieller Vielfalt und deren

Anpassungsmechanismen bietet. Die Unterstützung innovativer Forschungsansätze ist entscheidend für die Bekämpfung bakterieller Infektionen und die Entwicklung neuer Therapieansätze. Weitere Details sind zudem in **Nature Protocols** und bei der **Helmholtz-Gemeinschaft** verfügbar.

Details	
Ort	Würzburg, Deutschland
Quellen	• www.uni-wuerzburg.de • www.nature.com • www.helmholtz-hiri.de

Besuchen Sie uns auf: n-ag.de