

# Alfa-proteobatteri nella evoluzione cellulare

**Orazio Andreoni**

In base allo studio di microfossili del Sud-Africa (Fig. Tree), del Canada (Guntflint) e dell’Australia (Bitter Springs) (microstrutture arrotondate, stromatoliti, filamenti algali, cellule con nucleo) è stato prospettato che la comparsa sulla terra delle prime cellule avrebbe avuto luogo da circa due miliardi di anni. Tali cellule, nel corso di altri due milioni di anni, sarebbero andate incontro ad un processo di differenziazione, contraddistinto dalla comparsa di ordini o regni diversi (*Archeabacteria*, *Eubacteria*) e di cui uno avrebbe caratterizzato gli organismi pluricellulari (*Eukaryotes*) (12). Classificazione probabilmente incompleta nell’ambito soprattutto nella definizione di specie appartenenti ai vari ordini, se, come da recenti osservazioni in tema di habitat microbici, microrganismi predominanti in ambienti acquatici e terrestri sarebbero comunque non coltivabili o poco accessibili e, di conseguenza, di non agevole inquadramento tassonomico (8).

L’ordine o il regno di particolare interesse in tema di microbiologia clinica è naturalmente quello degli *Eubacteria*, in cui, in base all’analisi sequenziale di 16SrRNA, sono stati possibili più raggruppamenti variamente denominati (tabella 1). In particolare, per quanto riguarda i batteri “porpora” o proteobatteri, questi ultimi sono stati ulteriormente suddivisi in quattro gruppi ( $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\delta$ ) e di cui  $\alpha$ , comprendente patogeni intracellulari (*Rickettsiae*, *Ehrlichiae*), assume un particolare significato in tema di evoluzione cellulare, nonché sul piano clinico-batterologico.

Attualmente si è concordi nel ritenere che taluni aspetti morfologici e fisiologici delle prime cellule eucariote, da cui una progenie differenziata e illimitata di discendenti, siano derivati dall’intervento di alfa-proteobatteri, capaci di rappresentare o di organizzare strutture fondamentali nell’economia della cellula ospite. Parimenti, la conoscenza delle sequenze genomiche di batteri e di

eucarioti ha fornito valide informazioni circa il contributo di geni batterici nella origine ed evoluzione di mitocondri, e infatti, l’analisi filogenetica basata sui geni localizzati nel genoma mitocondriale indica che questi geni avrebbero tratto origine da alfa-proteobatteri. In pratica, i mitocondri, comuni alle sole cellule eucariote, avrebbero tratto origine da procarioti ancestrali assumendo un ruolo di fondamentale importanza nell’economia cellulare, non solo in quanto generatori di energia, o ATP, come avviene con analogo meccanismo nella cellula batterica, ma anche nel determinare apoptosi o morte cellulare programmata. Possibilità quest’ultima che sarebbe comunque un requisito di elementi pluricellulari, senza escludere la possibilità che alcuni geni coinvolti in tale evento siano evoluti da organismi unicellulari (5). Questi riscontri, ossia l’analogia tra mitocondri e batteri, nel rappresentare costanti bio-energetiche nella evoluzione cellulare, sono ritenuti un interessante esempio di conservazione funzionale durante milioni di anni di evoluzione (7).

È stato fatto osservare, recentemente, che durante l’evoluzione di mitocondri da alfa-proteobatteri liberamente vitali, molti geni batterici sarebbero stati trasferiti nel genoma nucleare di eucarioti con conseguente sintesi e translocazione di polipeptidi e proteine nelle membrane mitocondriali. Un processo di translocasi, peraltro limitato, se un terzo dei 3-5000 geni del proteobatterio ancestrale non sarebbero presenti nell’eucariote (2) e da cui, infatti, non sempre sarebbero derivate analogie tra tali proteine e quelle batteriche pur mantenendosi la possibilità di funzioni sovrapponibili (4). Sempre dallo studio delle basi ultrastrutturali di interazione tra procarioti ed eucarioti è stata considerata pertanto la possibilità che tale interazione si debba basare sulla assunzione di endosimbionti ossia che si sia realizzato un processo di simbiosi contraddistinto appunto da una associazione durevole tra strutture di specie diversa e che

**Tabella 1.** Ordini differenziatesi nel corso dell’evoluzione batterica

ARCHAEBACTERIA	EUBACTERIA	EUKARYOTES
Metanogeni Alofili estremi Termofili estremi	Batteri porpora $\alpha$ , $\beta$ , $\gamma$ , $\delta$ Gram positivi Cianobatteri Batteri solfurei Spirochete <i>Bacteroides</i> , Flavobatteri Planctomiceti <i>Chlamydiae</i>	Microsporidi Ciliati Flagellati Miceti Piante Animali

dalla convivenza traggono reciproco vantaggio (9). È stato anche rilevato che geni di origine eucariota sono trasferiti in polisomi liberi nel citosol, mentre quelli di origine batterica sono trasferiti in polisomi attaccati a mitocondri e che non sempre esiste una stretta relazione tra geni di alfa-proteobatteri e geni mitocondriali (1). In merito, infine, ai rapporti tra batteri e cellule eucariote, non può che essere di rilievo il risultato di ricerche condotte in Italia, in base alle quali, un alfa-proteobatterio, presente in ovaio di *Ixodes ricinus* e denominato IricES1, è risultato poter penetrare tra membrana esterna e membrana interna di mitocondri consumandone il contenuto (6).

In conclusione, la suddivisione  $\alpha$  si presenta di particolare interesse biologico in quanto taluni membri, con diversità sequenziale 16SsRNA del 7%, si prestano ad associarsi intimamente e in sede intracellulare con varie cellule eucariote e non è stato escluso che anche endosimbionti, da cui l'ipotesi che i mitocondri sono diretti discendenti di un endosimbionte batterico, debbano essere considerati membri di tale suddivisione (11). È stato prospettato, infatti, che accanto alle *Rickettsiaceae* possa essere prospettata l'esistenza di un gruppo di microrganismi definiti endosimbionti tipo-*Rickettsia* (3), così come, con l'acquisizione di mitocondri, le prime cellule complesse sarebbero da considerarsi proto-eucarioti (10).

## BIBLIOGRAFIA

1. Andersson SG, Karlberg O, Canback B, Kurland CG. On the origin of mitochondria: a genomics perspective. *Philos Trans Soc Lond Biol Sci* 2003; 358: 165-77.
2. Boussau B, Karlber EO, Frank AC, et al. Computational inference of scenarios for alpha-proteobacterial genome evolution. *Proc Nat Acad Sci* 2004; 101: 9722-7.
3. Emelyanov VV. Evolutionary relationship of *Rickettsiae* and mitochondria. *FEBS Lett* 2001; 501: 11-8.
4. Herrmann JM. Converting bacteria to organelles: evolution of mitochondrial protein sorting. *Trends Microbiol* 2003; 11: 74-9.
5. Huettenbrenner S, Maier S, Leisser C, et al. The evolution of cell death programs as prerequisites of multicellularity. *Mutat Res* 2003; 543: 235-49.
6. Lo N, Beninati T, Sacchi L, et al. "Emerging rickettsioses" *Parassitologia* 2004; 45: 123-6.
7. Puny V, Chakrabarty AM. Redox proteins in mammalian cell death: an evolutionarily conserved function in mitochondria and prokaryotes. *Cell Microbiol* 2003; 5: 225-31.
8. Relman DA. In Miller J, et al. *Am Soc Microbiol* 1994. Phylogenetic diversity of microbial pathogens. 1994: 507-7.
9. Sacchi L. Ultrastructural basis of interactions between prokaryotes and eukaryotes in different symbiotic model. *Parassitologia* 2004; 46: 19-24.
10. Vellai T, Vida G. The origin of eukaryotes: the differ-

ence between prokaryotic and eukaryotic cells. *Proc Soc Lond Biol Sci* 1999; 266: 1571-7.

11. Yang D, Oyalzu Y, Oyalzu G, et al. Mitochondrial origins. *Proc Natl Acad Sci USA* 1985; 82: 4443-7.
12. Woese CR. Bacterial evolution. *Microbiol Rev* 1987; 51: 221-71.