



Pressemitteilung, 8. September 2015

anja konschak

tel: +49 89 8578-2824

fax: +49 89 8578-2943

konschak@biochem.mpg.de

www.biochem.mpg.de/news

Was den Golgi im Innersten zusammenhält

Max-Planck-Wissenschaftler entdecken molekularen Reißverschluss

Der Golgi-Apparat dient der Zelle als molekulare Poststelle und sendet ihre unzähligen Proteine an die jeweiligen Wirkungsorte. Um Proteine korrekt markieren und sortieren zu können, hat der Golgi einen ganz spezifischen Aufbau. Er besteht aus flachen, Membran-umhüllten Hohlräumen (Zisternen), die dicht aufeinander gestapelt sind – ähnlich einem Stapel Pfannkuchen. Forscher am Max-Planck-Institut für Biochemie in Martinsried bei München haben jetzt neue Strukturen in diesen Zisternen entdeckt. „Mit Hilfe der Cryo-Elektronentomografie konnten wir zeigen, dass die Zisternen durch Linkerproteine zusammengehalten werden“, erklärt Benjamin Engel, Erstautor der Studie. Ihre Ergebnisse wurden jetzt in der Fachzeitschrift *Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A. (PNAS)* veröffentlicht.

Nachdem Proteine am Endoplasmatischen Retikulum gebildet wurden, gelangen sie in den Golgi-Apparat und durchwandern die verschiedenen Zisternen. Dabei erhalten sie eine Vielzahl von Modifikationen und werden für den Transport an ihren Bestimmungsort innerhalb oder außerhalb der Zelle in Vesikel verpackt.

Die spezifische Architektur des Golgi-Apparates ist essentiell, um das Modifizieren und Sortieren der Proteine zu steuern. In den verschiedenen Zisternen befinden sich unterschiedliche Golgi-Enzyme, welche die jeweils nötigen Modifikationen vornehmen. Doch wie entsteht dieser ausgeklügelte Aufbau? Max-Planck-Wissenschaftler konnten nun Licht ins Dunkel bringen, indem sie den Golgi-Apparat der Alge *Chlamydomonas* mit Hilfe der *in situ* Kryo-Elektronentomografie näher untersuchten.

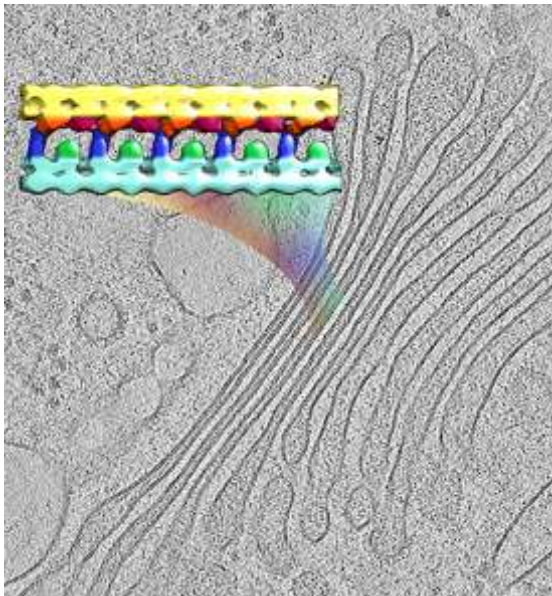
Bisher konnten Forscher nur herkömmliche Methoden der Elektronenmikroskopie nutzen, um zelluläre Strukturen zu untersuchen. Die Schritte, die bei diesen Methoden zur Vorbereitung notwendig waren, schädigten die Proben und machten es Forschern unmöglich, feine molekulare Details zu beobachten. Wissenschaftler aus der Abteilung „Molekulare Strukturbiologie“ um Wolfgang Baumeister haben daher eine neue Methode entwickelt: die *in situ* Kryo-Elektronentomografie. Die Zelle wird schockartig gefroren, um so ihre filigranen Strukturen zu erhalten. Dann schneiden die Forscher mit einem fokussierten Ionenstrahl winzige „Fenster“ in die





Zelle und legen so ihr Innerstes frei. Mit einem Elektronenmikroskop erhalten sie anschließend einen ungetrübten Blick in das Innere der Zelle.

Experten nahmen lange an, dass die Zisternen des Golgi-Apparats nicht von Linkerproteinen zusammengehalten werden. Erst die Kryo-Elektronentomografie konnte die regelmäßigen Proteinanordnungen (siehe Abbildung) aufspüren. „Die Linkerproteine halten zwei Zisternenmembranen zusammen, ähnlich einem Reißverschluss bei einer Jacke“, erläutert Doktorand Shoh Asano, Co-Autor der Studie.



Bildunterschrift

Wie ein Reißverschluss halten Linkerproteine die Zisternen des Golgi-Apparates zusammen. So erhalten sie die dichte Stapelung der Zisternen in der Mitte des Golgis und scheinen so auch Proteine an den Rand zu drängen. Dort werden sie dann für den Transport in Vesikel verpackt.

Das Bild zeigt eine molekulare 3D-Struktur von Proteinanordnungen, welche zwei Membranen verbinden (farbig dargestellt). Es entstand aus einem Kryo-Tomogram des Golgi-Apparates (grau dargestellt).

Bild: Sahradha Albert / Copyright: MPI für Biochemie

Benjamin Engel und seine Kollegen glauben, dass die Linkerproteine mehrere Funktionen haben könnten, um dem Golgi bei seiner Aufgabe als zelluläre Poststelle zu helfen. Definieren sie beispielsweise Sub-Hohlräume, welche die Enzymreaktionen zum Modifizieren der Proteine beschleunigen? Zwingen die Linkerproteine größere Proteine an den Rand des Golgis, wo sie in Vesikel verpackt werden können? Dies sind Fragen, welche die Forscher in Zukunft beantworten möchten.

Originalpublikation

B. D. Engel, M. Schaffer, S. Albert, S. Asano, J. M. Plitzko and W. Baumeister: In situ structural analysis of Golgi intracisternal protein arrays. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, September 8, 2015

Doi: 10.1073/pnas.1515337112





Kontakt

Prof. Dr. Wolfgang Baumeister
Molekulare Strukturbiologie
Max-Planck-Institut für Biochemie
Am Klopferspitz 18
82152 Martinsried
E-Mail: baumeist@biochem.mpg.de
www.biochem.mpg.de/baumeister

Anja Konschak
Öffentlichkeitsarbeit
Max-Planck-Institut für Biochemie
Am Klopferspitz 18
82152 Martinsried
Tel. +49 89 8578-2824
E-Mail: konschak@biochem.mpg.de
www.biochem.mpg.de

