



Pressemitteilung, 07. März 2016

dr. christiane menzfeld

tel.: +49 89 8578-2824

fax: +49 89 8578-2943

menzfeld@biochem.mpg.de

www.biochem.mpg.de/news

Protein-Atlas der Fliegenzellen

Forscher machen über 10.000 Fliegenproteine sichtbar

Das menschliche Genom kann über 20.000 unterschiedliche Proteine herstellen. Dabei ist die Funktion vieler dieser Gene noch unbekannt. Die meisten dieser Proteine kommen auch in der Fliege vor. Wissenschaftlern der Max-Planck-Institute für Biochemie in Martinsried und für molekulare Zellbiologie und Genetik in Dresden sowie des National Centre for Biological Sciences (NCBS) in Bangalore hat nun einen Meilenstein erreicht, um die Funktion dieser Proteine mithilfe der Fruchtfliege zu verstehen. Da viele Proteine sich im Verlaufe der Entwicklung nicht verändert haben, können Fruchtfliegen als Modell dienen, um die Proteinfunktion zu entschlüsseln. Dies ist der erste Schritt für die Entwicklung neuer therapeutischer Ansätze gegen Krankheiten beim Menschen.

Der menschliche Körper besteht aus hunderten Zelltypen mit unterschiedlichen Funktionen. Rote Blutzellen transportieren Sauerstoff, Nervenzellen tauschen Informationen aus und Muskelzellen erzeugen mechanische Kräfte. Die meisten dieser Aufgaben beruhen auf der Aktivität von 20.000 bis 25.000 Proteinen, die aus dem menschlichen Genom hergestellt werden können.

Obwohl das menschliche Erbgut im Jahr 2004 komplett sequenziert wurde, kennt man die Funktionen von tausenden Proteinen noch immer nicht. Es ist oft unbekannt, welchen Zelltyp ein bestimmtes Protein herstellt und wo sich dieses Protein in der Zelle befindet. Wenn Wissenschaftler den Aufenthaltsort der Proteine kennen, können sie auch ihre Funktion besser verstehen.

Einfache Modellorganismen wie Fliegen oder Würmer helfen den Forschern dabei. Das Fliegen-erbgut enthält ungefähr 13.000 Protein-kodierende Gene. Viele dieser Proteine haben große Ähnlichkeit mit menschlichen Proteinen, sodass Untersuchungen in der Fliege viel über die Funktionen im menschlichen Körper verraten können.

Frank Schnorrer vom Max-Planck-Institut für Biochemie, Pavel Tomancak und Mihail Sarov vom Max-Planck-Institut für molekulare Zellbiologie und Genetik sowie K VijayRaghavan vom NCBS haben 10.000 Fruchtfliegenproteine sichtbar gemacht. Dazu haben sie im Reagenzglas die Geninformation für ein grün fluoreszierendes Protein an die Gene angeheftet, die für die Proteine





codieren. Jedes der markierten Gene kann dann wieder in die Fliege als sogenanntes Transgen eingebaut werden – es entsteht ein „Transgenom“ der Fliege.

Beim Ablesen der Gene entsteht nicht nur das jeweilige Protein, sondern jeweils auch ein grün leuchtendes Protein, das am eigentlichen Protein haftet. Den leuchtenden Proteinkomplex können die Forscher unter dem Mikroskop beobachten und wissen so, wo sich das Protein in der Zelle befindet. „Insgesamt haben wir 880 Fliegenstämme hergestellt, von denen jeder ein anderes fluoreszierendes Protein produziert“, erklärt Schnorrer. „Diese Proteine können wir dann mit Fluoreszenzmikroskopen in unterschiedlichen Zelltypen und Entwicklungsstadien der Fruchtfliege beobachten.“

Für mehr als 200 Proteine konnten die Wissenschaftler entschlüsseln, wo sie in der Entwicklung vorkommen – angefangen von der Eizelle über den Embryo bis hin zur erwachsenen Fliege. Die Arbeitsgruppe um Tomancak nutzte die sogenannte Lichtblattmikroskopie, um die auftretenden Proteine vom ersten Tag der Entwicklung an zu filmen. Die Arbeitsgruppe um Schnorrer ortete die Proteine dann in Muskelzellen.

„Wir haben bisher nur 200 dieser transgenen Fliegenstämme angeschaut. In Zukunft wollen wir die Proteine systematisch in viel mehr Fliegengewebe lokalisieren. Dazu werden wir Wissenschaftler aus der ganzen Welt mit einbeziehen, die an der Fruchtfliege forschen“, sagt Tomancak. Durch die Erforschung des Transgenoms der Fliege lernen die Wissenschaftler gleichzeitig viel über die Funktion von Proteinen in menschlichen Zellen. *FF/PH/HR*





Bildunterschrift:

Für gewöhnlich leuchtet eine Fliege natürlich nicht grün. Hier haben Forscher mit genetischen Tricks ein Muskelprotein zum Leuchten gebracht, das sie anschließend unter einem Fluoreszenzmikroskop lokalisieren können.

Originalpublikation:

M. Sarov, C. Barz, H. Jambor, M. Hein, C. Schmied, D. Suchold, B. Stender, S. Janosch, V. Vikas, K. Krishnan, A. Krishnamoorthy, I. Ferreira, R. Ejsmont, K. Finkl, S. Hasse, P. Kämpfer, N. Plewka, E. Vinis, S. Schloissnig, E. Knust, V. Hartenstein, M. Mann, M. Ramaswami, K VijayRaghavan, P. Tomancak, F. Schnorrer: A genome-wide resource for the analysis of protein localisation in *Drosophila*, *eLife*, Februar 20, 2016
DOI: <http://dx.doi.org/10.7554/eLife.12068>



**Kontakt:**

Dr. Frank Schnorrer
Forschungsgruppe „Muskeldynamik“
Max-Planck-Institut für Biochemie
Am Klopferspitz 18
82152 Martinsried
E-Mail: schnorrer@biochem.mpg.de
<http://www.biochem.mpg.de/schnorrer>

Dr. Christiane Menzfeld
Öffentlichkeitsarbeit
Max-Planck-Institut für Biochemie
Am Klopferspitz 18
82152 Martinsried
Tel. +49 89 8578-2824
E-Mail: pr@biochem.mpg.de
www.biochem.mpg.de

