



Pressemitteilung 27.4.2009

Dr. Monika Gödde
Öffentlichkeitsarbeit

Tel: +49-(89) 8578-2824
Fax: +49-(89) 8578-2943
goedde@biochem.mpg.de
www.biochem.mpg.de

Passiermühle für Proteine – neue Methode verbessert Proteinanalyse durchschlagend

Um möglichst alle Proteine aus biologischem Material zu extrahieren, war bisher eine Kombination verschiedener Methoden erforderlich. Wissenschaftler des Max-Planck-Instituts für Biochemie entwickelten nun eine neue, universell einsetzbare Methode, die die Vorteile der herkömmlichen Methoden kombiniert und auch die Extraktion zuvor schwer zugänglicher Proteine erlaubt (Nature Methods advanced online publication, 19. April 2009).

Wer wissen will, was in einer Zelle vor sich geht, muss ihre Proteine untersuchen - diese verleihen den Zellen nicht nur ihre Struktur, sondern sie sind auch an allen Lebensvorgängen beteiligt. Bevor Proteine im Massenspektrometer analysiert werden können, müssen sie aber erst aus der Probe extrahiert und in kleinere Stücke (Peptide) zerlegt werden. Bisher war hierfür meist eine Kombination verschiedener Methoden notwendig, und manche Proteine blieben trotzdem schwer zugänglich: „Für Membranproteine zum Beispiel sucht man schon seit zehn Jahren nach einer geeigneten Methode“, erzählt Professor Jacek Wiśniewski (Max-Planck-Institut für Biochemie). Nun erzielte der Wissenschaftler einen wesentlichen Durchbruch: er entwickelte gemeinsam mit Kollegen der von Professor Matthias Mann geleiteten Forschungsabteilung „Proteomics und Signaltransduktion“ die erste universell einsetzbare „Passiermühle“, mit deren Hilfe Proteine aus biologischem Material extrahiert werden können. Dabei handelt es sich um eine neuartige Filtertechnik (FASP-filter aided sample preparation), die die Vorteile bisheriger Methoden kombiniert: Unempfindlichkeit gegenüber Verunreinigungen einerseits und leichtere Automatisierbarkeit einerseits. Für FASP werden die Proteine zunächst mit einem starken Lösungsmittel aus der Probe gelöst. Da die Lösungsmittel dann an den Proteinen „kleben“, müssen sie anschließend aus der Probe entfernt werden. Dies geschieht durch das neu entwickelte Filterverfahren: Hier werden die Lösungsmittel mit Harnstoff ausgewaschen, während die sperrigen Proteine im Filter hängen bleiben. „Anschließend funktioniert der Filter so ähnlich wie eine Passiermühle, in der z.B. Äpfel



zerrieben werden“, erklärt Wiśniewski: Die Proteine werden noch im Filter durch Enzyme „verdaut“, d.h. in kleinere Peptide zerlegt, die dann den Filter passieren können, während Verunreinigungen zurückgehalten werden. Heraus kommen reine Peptidmischungen, und auch die Proteinausbeute ist exzellent, wie Wiśniewskis Versuche zeigten. Ein weiterer großer Vorteil: „Die Methode ist nicht nur für Membranproteine interessant, sondern nun können alle Proteine ohne Rücksicht auf ihre Eigenschaften mit einer einzigen Methode untersucht werden, was die Interpretation der Ergebnisse sehr erleichtert“, betont Wiśniewski. Mit Hilfe der neuen Methode ist es den Forschern am MPI bereits gelungen, mehr als 7000 Proteine aus menschlicher Gewebekultur zu bestimmen.

Originalveröffentlichung:

J.R. Wiśniewski, A. Zougman, N. Nagarjuna, M.Mann: Universal sample preparation method for proteome analysis. Nature Methods advanced online publication 19 April 2009.

doi: 10.1038/NMETH.1322

Weitere Informationen:

<http://www.biochem.mpg.de/mann>

<http://www.nature.com/nmeth/journal/vaop/ncurrent/abs/nmeth.1322.html>

Kontakt:

Prof. Jacek Wiśniewski
Proteomics und Signaltransduktion
Max-Planck-Institut für Biochemie
Am Klopferspitz 18
82152 Martinsried
jwisniew@biochem.mpg.de

Dr. Monika Gödde
Öffentlichkeitsarbeit
Max-Planck-Institut für Biochemie
Am Klopferspitz 18
82152 Martinsried
Tel. ++49/89-8578-3882
E-mail: goedde@biochem.mpg.de
www.biochem.mpg.de