



Pressemitteilung, 25. September 2020

dr. christiane menzfeld

tel.: +49 89 8578-2824

menzfeld@biochem.mpg.de

www.biochem.mpg.de/news

 @MPI_Biochem

Die Reparatur des Photosynthese-Enzyms Rubisco

Forscher am Max-Planck-Institut für Biochemie entschlüsseln in einer aktuellen Studie den molekularen Mechanismus der Rubisco-Activase

Manajit Hayer-Hartl, Leiterin der Forschungsgruppe "Chaperonin-vermittelte Proteinfaltung", hat ein langjähriges Interesse an dem Enzym Rubisco, dem Schlüsselenzym der Photosynthese. In den letzten Jahren berichtete ihr Team bereits über die vielen Interaktionspartner von Rubisco, die für die Faltung und den Zusammenbau dieses in großer Menge vorkommenden Proteins erforderlich sind. In der aktuellen Studie haben die Forscher nun aufgeklärt, wie die Rubisco-Aktivase funktioniert. Wie der Name schon verrät, ist dieses Enzym für die Aktivierung von Rubisco verantwortlich. Es ist entscheidend für die Reparatur von Rubisco, sobald das Enzym seine Aktivität verloren hat. Die Studie wurde in *Cell* veröffentlicht.

Das Enzym Rubisco katalysiert die Aufnahme von CO₂ aus der Atmosphäre in organische Materie. Das häufigste vorkommene Enzym der Welt erzeugt in einem zentralen Schritt der Photosynthese Zuckermoleküle. Es ist somit für fast alle Biomasseproduktion verantwortlich. Trotz seiner wichtigen Rolle arbeitet Rubisco relativ langsam und wird leicht von Zucker-Produkten gehemmt. Durch die Verbesserung der Rubiscofunktion hofft Hayer-Hartl, den Prozess der Photosynthese ankurbeln zu können. So soll die wachsende weltweite Nachfrage nach Nahrungsmitteln besser gedeckt und dem derzeitigen treibhausgasbedingten Klimawandel entgegengewirkt werden.

Das Enzym Rubisco-Aktivase, Rca, kommt in Pflanzen, Algen und bestimmten Cyanobakterien vor. Rca ist ein ringförmiger Komplex aus sechs gleichen Untereinheiten mit einer zentralen Pore. Bisher war unklar, wie genau Rca die gehemmte Rubisco erkennt und den gebundenen Zucker aus dem aktiven Zentrum von Rubisco freisetzt, umso seine CO₂-bindende Aktivität wiederherzustellen. Mit Hilfe von Biochemie, Kristallographie und Kryo-Elektronenmikroskopie ist es Hayer-Hartl und ihren Kollegen nun gelungen, den molekularen Mechanismus einer cyanobakteriellen Rca zu entschlüsseln.

Sie entdeckten, dass die Rca den N-terminalen Fortsatz von Rubisco bindet und durch Zug- und Druckbewegungen unter Nutzung der Energie von ATP das aktive Zentrum des Enzyms öffnet. Dies führt zur Freisetzung des hemmenden Zuckermoleküls. In Cyanobakterien wird Rubisco in spezielle Mikro-





Kompartimente, Carboxysomen genannt, verpackt wird. Dort wird eine hohe Konzentration von CO₂ erzeugt, um die Funktion von Rubisco zu erleichtern.

In einer [früheren Studie](#) zeigten Hayer-Hartl und ihr Team, wie Rubisco über Interaktionen mit sogenannten SSUL-Domänen im Gerüstprotein CcmM in Carboxysomen rekrutiert wird. Interessanterweise fanden die Forscher nun heraus, dass Rca mit einem sehr ähnlichen Trick in Carboxysomen verpackt wird. Das Rca-Hexamere enthält ebenfalls SSUL-Domänen, die während der Carboxysomenbildung an Rubisco andocken. Dadurch wird sichergestellt, dass im Inneren der Carboxysomen genügend Rca vorhanden ist, um seine wesentliche Reparaturfunktion zu erfüllen. Somit funktioniert Rca nicht nur bei der Rubisco-Aktivierung, sondern vermittelt auch seine eigene Rekrutierung in Carboxysomen.

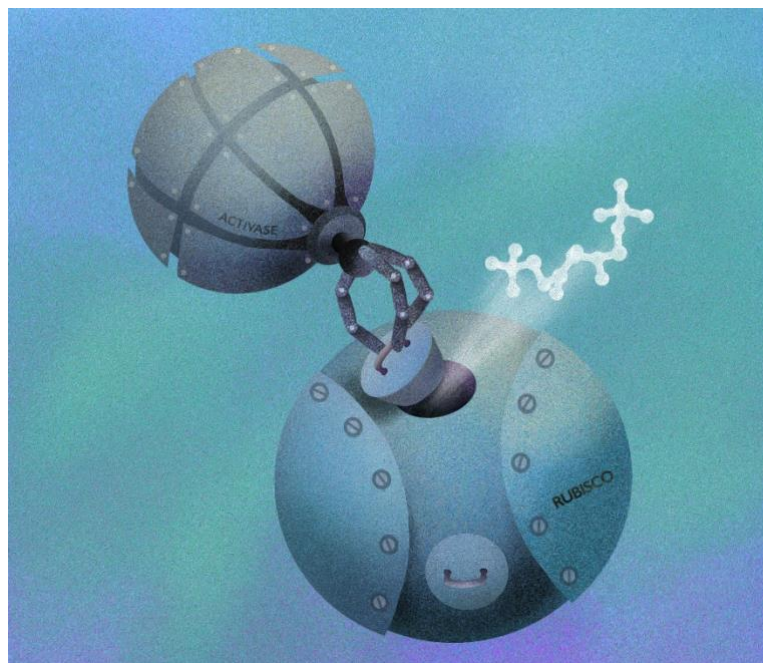
Manajit Hayer-Hartl fasst zusammen: "Rca ist absolut notwendig, damit Rubisco optimal funktionieren kann. Die Entschlüsselung des Rca-Mechanismus und seiner Doppelfunktion in Cyanobakterien wird uns in Zukunft weiter helfen, die Photosynthese effektiver zu gestalten. Hoffentlich bringt uns dies unserem Ziel, der Steigerung der landwirtschaftlichen Produktivität, näher", so Hayer-Hartl.

Original Publikation:

M. Flecken, H. Wang, L. Popilka, F.U. Hartl, A. Bracher and M. Hayer-Hartl:

"Dual Functions of a Rubisco Activase in Metabolic Repair and Recruitment to Carboxysomes"

Cell, September 2020. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.09.010>



Bildbeschreibung: Die Rubisco-Aktivase beschleunigt die Öffnung des aktiven Zentrums von Rubisco und ermöglicht die Freisetzung des hemmenden Zuckers.



Das Bild ist eine künstlerische Interpretation des Mechanismus. Grafik: Julia Kuhl
Manajit Hayer-Hartl © MPI für Biochemie

Über Manajit Hayer-Hartl

Dr. Manajit Hayer-Hartl promovierte 1984 in Chemie an der Universität Stirling, UK. Von 1984 bis 1990 forschte sie als Postdoktorandin am Louis-Pasteur-Institut in Straßburg, Frankreich, an der Ludwig-Maximilians-Universität in München und dem Jules Stein Eye Institut, Los Angeles, USA. Ihre Forschung führte sie von 1991 bis 1997 an das Sloan-Kettering-Institut, New York, USA. Anschließend war sie Projektgruppenleiterin am Max-Planck-Institut für Biochemie in Martinsried. Seit 2006 leitet sie hier die Forschungsgruppe „Chaperonin-vermittelte Proteinfaltung“. Sie untersucht grundlegende Funktionen molekularer Chaperone bei Proteinfaltung und Assemblierung. Hayer-Hartl ist gewähltes Mitglied der European Molecular Biology Organization (EMBO) und der deutschen Akademie der Wissenschaften (Leopoldina). Für ihre Forschung wurde sie mit dem Dorothy Crowfoot Hodgkin Preis der Protein Society, dem Charles F. Kettering Preis und dem ASBMB Merck award ausgezeichnet.

Über das Max-Planck-Institut für Biochemie

Das Max-Planck-Institut für Biochemie (MPIB) in Martinsried bei München zählt zu den führenden internationalen Forschungseinrichtungen auf den Gebieten der Biochemie, Zell- und Strukturbiologie sowie der biomedizinischen Forschung und ist mit rund 35 wissenschaftlichen Abteilungen und Forschungsgruppen und ungefähr 800 Mitarbeitern eines der größten Institute der Max-Planck-Gesellschaft zur Förderung der Wissenschaften e.V. Das MPIB befindet sich auf dem Life-Science-Campus Martinsried in direkter Nachbarschaft zu dem Max-Planck-Institut für Neurobiologie, Instituten der Ludwig-Maximilians-Universität München und dem Innovations- und Gründerzentrum Biotechnologie (IZB). <http://www.biochem.mpg.de>

Kontakt:

Dr. Manajit Hayer-Hartl
Chaperonin-vermittelte Proteinfaltung
Max-Planck-Institut für Biochemie
Am Klopferspitz 18
82152 Martinsried
Deutschland
E-Mail: mhartl@biochem.mpg.de
<http://www.biochem.mpg.de/hayer-hartl>

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
Twitter: [@MPI_Biochem](https://twitter.com/MPI_Biochem)

