

Zelluläre Biochemie

Anstandsdamen und Origami in der Zelle

Cellular Biochemistry

Chaperones and Origami in the Cell

Prof. Dr. Franz-Ulrich Hartl



Prof. Dr. Franz-Ulrich Hartl

uhartl@biochem.mpg.de
www.biochem.mpg.de/hartl

Ohne korrekte Form geht nichts: Für die meisten Proteine gibt es viele Millionen Möglichkeiten, wie diese aus langen Aminosäureketten zusammengesetzten Moleküle gefaltet werden können – aber nur eine davon ist die richtige. In der Forschungsabteilung „Zelluläre Biochemie“ wird untersucht, wie das Origami in der Zelle funktioniert und was passiert, wenn dabei etwas schief geht. Dabei interessieren Franz-Ulrich Hartl und sein Team sowohl die zugrunde liegenden Mechanismen als auch die Struktur der beteiligten Moleküle.

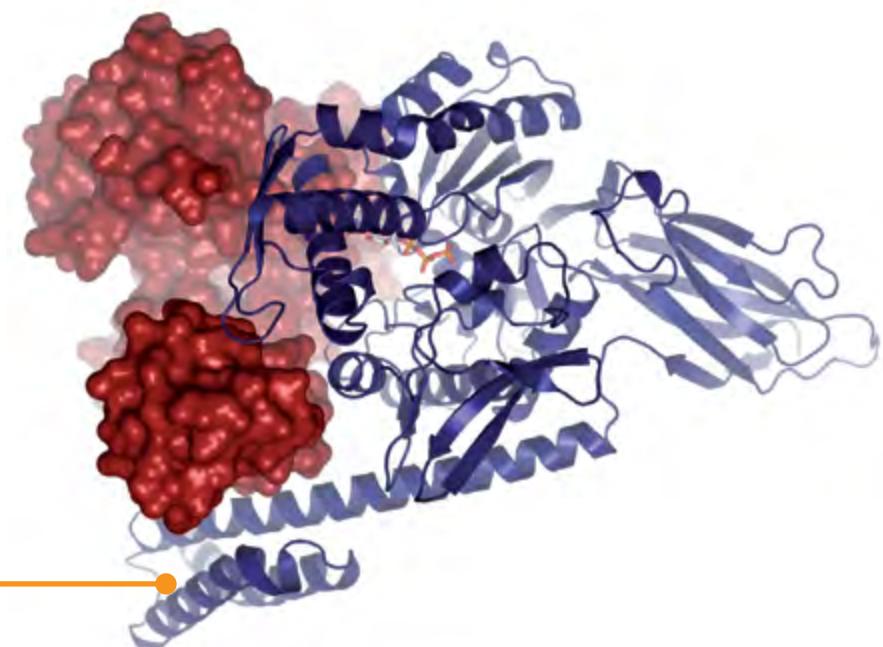
Die Forscher beschäftigen sich besonders mit Proteinen, die als zelluläre „Anstandsdamen“ dafür sorgen, dass andere Proteine die richtige Form wahren: Chaperone. Die meisten Chaperone gehören zu den Hitzeschockproteinen (Hsp), die so genannt werden, weil sie verstärkt bei Hitzestress gebildet werden. Eine spezielle Gruppe innerhalb der Chaperone sind die Chaperonine. Dies sind zylindrisch geformte Moleküle mit Deckel, die in ihrem Inneren andere Proteine abschirmen. Für das bakterielle Chaperonin GroEL/GroES konnten die Wissenschaftler nachweisen, dass es nicht nur – wie anfänglich vermutet – einen geschützten Raum für die Faltung zur Verfügung stellt, sondern die Faltung

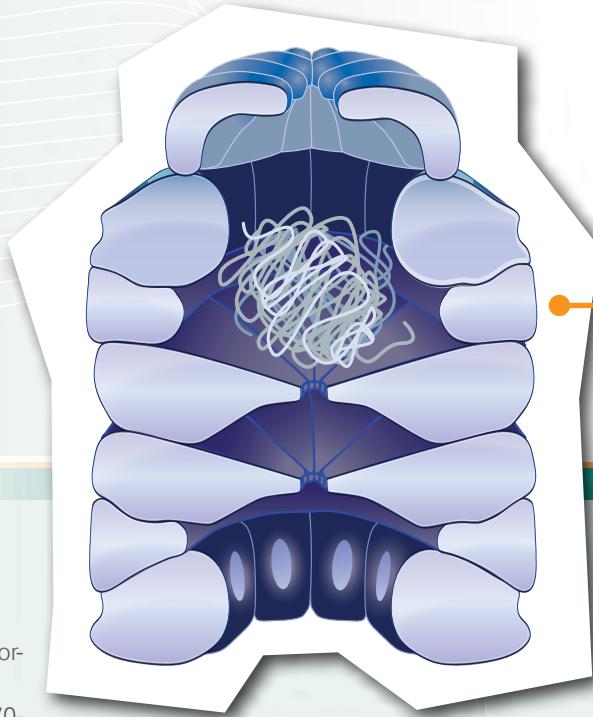
It is a matter of form: Without the correct conformation, proteins cannot function properly. For most proteins, there are many millions of possible ways to fold these molecules made up of long amino acid chains – but only one way is correct. Researchers in the Department “Cellular Biochemistry” are exploring how this origami in the cell works and what happens when something goes wrong. Franz-Ulrich Hartl and his team are interested both in the underlying mechanisms as well as the structure of the molecules involved.

The main focus of the scientists is on proteins that serve as “molecular chaperones” to ensure that other proteins maintain their proper conformation. Many of the cellular chaperones belong to the class of heat shock proteins (Hsp), because they are increasingly produced in response to thermal stress. Chaperonins are a special chaperone subgroup. They form hollow cylinder-shaped complexes with a lid that provide a protected space for other proteins to fold. For the bacterial chaperonin GroEL/GroES, the researchers were able to show that in addition to shielding proteins during folding, it also actively modulates the folding process and may even correct previous folding mistakes.

Zusammenarbeit zweier Chaperone:
Dargestellt ist die Struktur des Chaperons Hsp110 (blau) und eines Teils des Chaperons Hsp70 (rot). Hsp70 wird von Hsp110 förmlich „umarmt“, wodurch Hsp70 ein gefaltetes Protein (nicht dargestellt) freisetzt und ein neuer Faltungszzyklus beginnen kann.

Collaboration between two chaperones:
The figure shows the structure of the chaperone Hsp110 (blue) and a part of the chaperone Hsp70 (red). Hsp70 is “embraced” by Hsp 110, whereby Hsp70 releases a folded protein (not represented) and a new folding cycle can begin.





Modell des Chaperonin-Komplexes GroEL/GroES

Model of the chaperonin complex GroEL/GroES

aktiv unterstützt und möglicherweise sogar vorhergehende Fehlfaltungen korrigiert.

Neben den Chaperoninen sind Hsp70-Chaperone die zweite wichtige zelluläre Faltungsmaschine. Beide Chaperonklassen ergänzen sich, der Mechanismus ist aber noch schlecht verstanden. Daher ist es ein wichtiges Ziel der Wissenschaftler, umfassend aufzuklären, wie die Faltungsmaschinerie zusammenarbeitet und wie Chaperone ihre „Schützlinge“ auswählen.

Schief gewickelt – Fehler führen zu Krankheiten

Fehlgefaltete Proteine verklumpen leicht zu unlöslichen Knäueln (Aggregaten), die sich in der Zelle ablagern und diese schädigen. Die Ablagerung derartiger Proteinaggregate ist typisch für neurodegenerative Erkrankungen wie Alzheimer, Parkinson oder Huntington. Hartl untersucht vor allem Proteine, deren Fehlfaltung darauf beruht, dass sie eine pathologisch verlängerte Sequenz enthalten, die nur aus der Aminosäure Glutamin besteht. Ein solches Protein ist beispielsweise die Ursache für die Huntington'sche Erkrankung. Zellkulturen zeigten, dass bestimmte Chaperone die Ablagerung unlöslicher Proteinklumpen verringern und Fehlfaltungen abwehren können. Die Aufklärung der strukturellen Voraussetzungen und Mechanismen der Chaperonaktivität kann somit auch einen wesentlichen Beitrag zur Entwicklung neuer Wirkstoffe für die Behandlung schwerer neurodegenerativer Erkrankungen leisten. Gerade vor dem Hintergrund einer alternden Bevölkerung hat diese Forschung auch hohe gesellschaftliche Relevanz.

Besides the chaperonins, the Hsp70 chaperones represent another group of components critical for protein folding. Both chaperone classes cooperate in a manner that is not yet fully understood. Thus an important goal of the scientists is to find out just how the folding machinery functions in its entirety and how the chaperones choose their “protégés”.

Misfolding – Mistakes Lead to Diseases

Misfolded proteins clump easily to form insoluble aggregates, which are then deposited in the cell and cause damage. Deposits of such protein aggregates are typical for neurodegenerative diseases such as Alzheimer's, Parkinson's or Huntington's disease. Hartl focuses on proteins that are misfolded due to long repeat segments containing the amino acid glutamine. The aggregation of such a protein is responsible for Huntington's disease, for example. Cell culture experiments have shown that increasing the level of certain chaperones can reduce aggregate deposition and inhibit misfolding. Elucidating the structural requirements and mechanisms of chaperone activity can thus contribute significantly to developing new drugs for the treatment of severe neurodegenerative diseases. This research is highly relevant considering the fact that we live in an aging society that is increasingly affected by neurodegenerative diseases.

Prof. Dr. Franz-Ulrich Hartl

1985 Doctoral degree in Medicine, University of Heidelberg, Germany
 1990 Habilitation, Institute of Physiological Chemistry, LMU Munich, Germany
 1991 – 1997 Research at Sloan-Kettering Institute, Howard Hughes Medical Institute and at Cornell University, New York, USA
 Since 1997 Director of the Department “Cellular Biochemistry” at the MPI of Biochemistry, Martinsried and Honorary Professor for Physiological Chemistry at LMU Munich, Germany

Franz-Ulrich Hartl has received several awards for his research, including the Gottfried Wilhelm Leibniz Prize (2001), the Körber Prize for European Science (2006), the Louisa Gross Horwitz Prize (2008), the Otto Warburg Medal (2009), the Cross of the Order of Merit of the Federal Republic of Germany (2011), the Foreign Associate of the National Academy of Sciences (2011), the Lasker Award for Basic Medical Research (2011), the Massry Prize (2011), the Heinrich Wieland-Prize of the Boehringer Ingelheim Foundation (2011) and the Shaw Prize in Life Science and Medicine (2012).

Selected Publications

Georgescu F, Popova K, Gupta AJ, Bracher A, Engen JR, Hayer-Hartl M and Hartl FU (2014). “GroEL/ES Chaperonin modulates the mechanism and accelerates the rate of TIM-barrel domain folding” *Cell* 157, 922-934.
 Raychaudhuri S, Löw C, Körner R, Pinkert S, Theis M, Hayer-Hartl M, Buchholz F and Hartl FU (2014). “Interplay of acetyltransferase EP300 and the proteasome system in regulating heat shock transcription factor 1” *Cell* 156, 975-985.
 Park SH, Kukushkin Y, Chen T, Gupta R, Konagai A, Hipp MS, Hayer-Hartl M and Hartl FU (2013). “PolyQ Proteins Interfere with Nuclear Degradation of Cytosolic Proteins by Sequestering the Sis1p Chaperone” *Cell* 154, 134-145.

Research Group Leaders

Dr. Andreas Bracher, Dr. Roman Körner, Dr. Mark Hipp