DFG-Schwerpunktprogramm

Kleine Proteine in Prokaryoten

RUTH SCHMITZ-STREIT

INSTITUT FÜR ALLGEMEINE MIKROBIOLOGIE, UNIVERSITÄT ZU KIEL

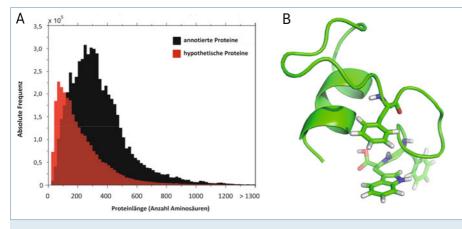
DOI: 10.1007/s12268-016-0725-9 © Springer-Verlag 2016

Für das neue Schwerpunktprogramm "Kleine Proteine in Prokaryoten, eine unbekannte Welt" stellt die DFG einem interdisziplinären nationalen Forschungskonsortium sechs Millionen Euro für die kommenden drei Jahre zur Verfügung.

Ein bislang wenig bearbeitetes Forschungsfeld in der Welt der Bakterien und Archaeen soll im Rahmen des Schwerpunktprogramms neu erschlossen werden. Um die vielseitigen Stoffwechselleistungen der Prokarvoten vollständig zu verstehen und ihre metabolischen Fähigkeiten auszuschöpfen, muss man das biochemische Repertoire und die zellulären Prozesse genau kennen. Im Mittelpunkt des neuen Schwerpunktprogramms stehen daher die Rolle und die molekularen Mechanismen besonders kleiner Proteine der Prokaryoten: die bisher wenig erforschten μ -Proteine (Abb. 1). Mit modernen Genom- und Transkriptomanalysen wurde kürzlich eine Fülle versteckter kleiner Gene in vielen prokarvotischen Genomen entdeckt, die kleine offene Leserahmen (sORFs) beinhalten. Diese sORFs codieren für µ-Proteine, die aus weniger als 50 Aminosäuren bestehen und typischerweise nicht von automatischen Genvorhersagen abgedeckt werden. Erste Studien weisen darauf hin, dass solche µ-Proteine für ein breites Spektrum an zellulären Prozessen wichtig sind - von der Energiegewinnung und Virulenz bis hin zu Transportprozessen. Häufig lokalisieren die µ-Proteine an Membranen und können den Aufbau und die Aktivität von größeren Proteinkomplexen modulieren. Trotz dieser ersten vielversprechenden Erkenntnisse bleibt die biochemische, physiologische und funktionale Vielfalt der prokaryotischen μ-Proteine noch zu entschlüsseln.

Die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus der Mikrobiologie, Infektionsforschung, Chemie, Biochemie und Pflanzenphysiologie sowie der Bioinformatik wollen in den nächsten Jahren im Rahmen des Schwerpunktprogramms die Funktionen und die molekularen Mechanismen der μ -Proteine untersuchen, was erst durch die jüngsten Fortschritte in den Analysetechniken möglich geworden ist. Dabei erwarten die beteiligten Gruppen Hunderte neuer kleiner Proteine und neuartige Funktionen in verschiedenen Spezies. Mit der Erforschung der µ-Proteine wollen sie wissenschaftliches Neuland betreten und die Grundlagen zur Beschreibung und Funktionsanalyse einer neuen Proteinklasse schaffen. Dabei sollen neue grundlegende Prinzipien der Regulation in Prokaryoten und der Assemblierung/Deassemblierung von komplexen (membranständigen) Proteinkomplexen sowie deren Aktivitätsmodulierung entschlüsselt werden. Eine Bestandsaufnahme des gesamten Repertoires des prokaryotischen Mikroproteoms wird dazu beitragen, das Wissen über die regulatorischen und strukturellen Prozesse in Prokaryoten zu erweitern. Langfristig erhoffen sich die Forscher davon u.a. neue Einsichten in Energie-wandelnde Prozesse oder neuartige Therapieansätze, z. B. die Entwicklung von alternativen Methoden zur Bekämpfung mikrobieller Krankheitserreger.

Verantwortlich für die Koordination und Organisation des Schwerpunktprogramms sind Cynthia Sharma (Universität Würzburg), Dieter Jahn (Universität Braunschweig), Wolfgang Hess (Universität Freiburg), Jörg Vogel (Universität Würzburg) unter der Leitung von Ruth Schmitz-Streit (Universität Kiel) als Sprecherin des Schwerpunktprogramms.



▲ Abb. 1: Unbekannte μ-Proteine. A, Verteilung von hypothetischen (rot) und annotierten Proteinen (schwarz) mit vorhergesagten Funktionen. Daten: komplett sequenzierte prokaryotische Genome, NCBI-Version 07/2014. B, Strukturvorhersage eines kürzlich identifizierten stickstoffregulierenden μ-Proteins des Urbakteriums Methanosarcina mazei.

Korrespondenzadresse:



Prof. Dr. Ruth Schmitz-Streit Molekularbiologie der Mikroorganismen Institut für Allgemeine Mikrobiologie Christian-Albrechts-Universität zu Kiel Am Botanischen Garten 1-9, R. 107

Tel.: 0431-880-4334 Fax: 0431-880-2194 rschmitz@ifam.uni-kiel.de