



### Ines Teichert

1999–2004 Biologiestudium. 2004–2007 Promotion an der Universität Bochum. 2008–2018 Mitarbeiterin am Lehrstuhl für Allgemeine und Molekulare Botanik, Bochum. 2013 Forschungsaufenthalt an der UC Berkeley. 2018 Habilitation im Fach Botanik. Seit 2018 Nachwuchsgruppenleiterin in eigenem DFG-Projekt zur pilzlichen RNA-Editierung an der Universität Bochum.

DOI: 10.1007/s12268-020-1315-4  
© Die Autorin 2020

■ Unter RNA-Editierung versteht man die Insertion, Deletion oder Substitution von Nukleotiden. Sie tritt in verschiedenen RNA-Arten und in allen biologischen Reichen auf. Die häufigsten Editierungsarten sind die Desaminierung von Cytidin zu Uridin sowie von Adenosin zu Inosin. In vielen Eukaryoten ist beispielsweise die Editierung von mitochondrialer mRNA für die Wiederherstellung von offenen Leserahmen für konservierte mitochondriale Proteine essenziell. Säuger zeigen häufig eine Editierung in mRNAs aus dem Zellkern, selten in codierenden, aber meist in nicht-codierenden Bereichen.

Erst vor wenigen Jahren wurde festgestellt, dass auch Pilze mRNAs aus dem Zellkern editieren, wobei der Mechanismus noch unbekannt ist. Wir konnten für die Ascomyceten (Schlauchpilze) *Pyronema confluens* und *Sordaria macrospora* zeigen, dass Adenosin-zu-Inosin-mRNA-Editierung während der sexuellen Entwicklungsphase auftritt [1]. In dieser Phase generieren die Ascomyceten Fruchtkörper, komplexe Strukturen aus verschiedenen Zelltypen, in denen die sexu-

## Nachwuchswissenschaftler/innen stellen sich vor

# Diversifizierung des Proteoms durch RNA-Editierung

INES TEICHERT

ALLGEMEINE UND MOLEKULARE BOTANIK, UNIVERSITÄT BOCHUM

ellen (meiotischen) Sporen gebildet werden (**Abb. 1**). Wir konnten für *S. macrospora* bereits in Fruchtkörper-Vorstufen Editierungsstellen durch RNA-Sequenzierung nachweisen. Dabei handelt es sich um Adenosine in Exons, deren Editierung zu Aminosäureaustauschen führen kann, und in UAG-Stoppcodons, wodurch UIG-Codons entstehen [2]. Da Inosin vom Ribosom als Guanosin interpretiert wird, entsteht effektiv ein Tryptophan-Codon, und die Translation wird bis zum nächsten Stoppcodon fortgeführt (*stop loss*). In Kooperation mit dem Leibniz-Institut für Analytische Wissenschaften (ISAS) wiesen wir in Proteomik- und Proteogenomik-Ansätzen Peptide nach, die auf RNA-Editierungsereignisse zurückzuführen sind [3].

Nach *stop loss*-Editierung lassen sich in den C-terminal verlängerten Proteinen häufig neue Motive, Lokalisationssignale und zum Teil Domänen vorhersagen [3]. Das Protein *edited in fruiting body development 2* (EFD2) beispielsweise enthält in der C-terminalen Verlängerung ein mögliches Zellkern-Lokalisationssignal, und wir konnten zeigen, dass EFD2 in vegetativen Zellen im Cytoplas-

ma, in Sporen dagegen im Zellkern vorkommt. Unsere Hypothese ist, dass die mRNA-Editierung eine Diversifizierung des Proteoms ermöglicht und dass diese Diversifizierung für die massiven zellulären Veränderungen während der Sporenbildung notwendig ist (**Abb. 1**). Wie genau Proteinfunktionen verändert werden, welche Editierungsstellen wirklich biologisch relevant sind und wie mRNA-Editierung in Pilzen katalysiert wird, ist Gegenstand unserer aktuellen Forschung.

### Danksagung

Mein Dank gilt insbesondere meinem akademischen Mentor Ulrich Kück für seine langjährige Unterstützung. Unseren Kooperationspartnern möchte ich für die Zusammenarbeit danken. Unsere Forschung wird durch die DFG gefördert (TE977/2-1). ■

### Literatur

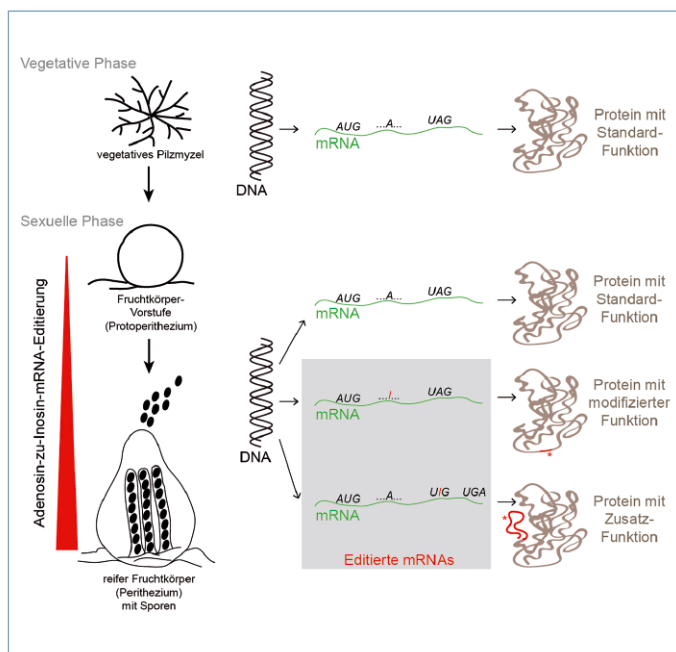
- [1] Teichert I, Dahlmann T, Kück U et al. (2017) RNA editing during sexual development occurs in distantly related filamentous ascomycetes. *Genome Biol Evol* 9:855–868
- [2] Teichert I (2018) Adenosine to inosine mRNA editing in fungi and how it may relate to fungal pathogenesis. *PLoS Pathog* 14:e1007231, doi: 10.1371/journal.ppat.1007231
- [3] Blank-Landeshammer B, Teichert I, Märker R et al. (2019) Combination of proteogenomics with peptide *de novo* sequencing identifies new genes and hidden posttranscriptional modifications. *mBio* 10:e02367-19

**Funding:** Open Access funding provided by Projekt DEAL.

**Open Access:** Dieser Artikel wird unter der Creative Commons Namensnennung 4.0 International Lizenz veröffentlicht, welche die Nutzung, Vervielfältigung, Bearbeitung, Verbreitung und Wiedergabe in jeglichem Medium und Format erlaubt, sofern Sie den/die ursprünglichen Autor(en) und die Quelle ordnungsgemäß nennen, einen Link zur Creative Commons Lizenz beifügen und angeben, ob Änderungen vorgenommen wurden. Die in diesem Artikel enthaltenen Bilder und sonstiges Drittmaterial unterliegen ebenfalls der genannten Creative Commons Lizenz, sofern sich aus der Abbildungslegende nichts anderes ergibt. Sofern das betreffende Material nicht unter der genannten Creative Commons Lizenz steht und die betreffende Handlung nicht nach gesetzlichen Vorschriften erlaubt ist, ist für die oben aufgeführten Weiterverwendungen des Materials die Einwilligung des jeweiligen Rechteinhabers einzuholen. Weitere Details zur Lizenz entnehmen Sie bitte der Lizenzinformation auf <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.de>.

### Korrespondenzadresse:

PD Dr. Ines Teichert  
Allgemeine und Molekulare Botanik  
Fakultät für Biologie und Biotechnologie  
Ruhr-Universität Bochum  
ND6/166  
Universitätsstraße 150  
D-44801 Bochum  
Ines.Teichert@rub.de  
<https://www.ruhr-uni-bochum.de/allgbotanik/forschung/teichert/index.htm>



◀ **Abb. 1:** Adenosin-zu-Inosin-Editierung führt zu veränderten Proteinen bei Ascomyceten. In der vegetativen Phase findet keine mRNA-Editierung statt. Während der sexuellen Phase nimmt die Menge an editierten Transkripten zu. Abhängig davon, ob ein Adenosin (A) in einem Aminosäure- oder in einem UAG-Stoppcodon zu einem Inosin (I, rot) editiert wird, entsteht ein Protein mit modifizierten oder zusätzlichen Funktionen (rot, Sternchen).