

Pressemitteilung Gregor Mendel Institut der Österreichischen Akademie der Wissenschaften

Wie Pflanzen ihre Umwelt erkennen und reagieren - internationale Studie unter Wiener Leitung

Sowohl bei Pflanzen als auch bei Menschen ist eine Familie von Proteinen mit dem Namen Rezeptorkinasen dafür verantwortlich, die Umwelt zu erkennen. Die Pflanzen nutzen Kinasen als molekulare Sensoren, um chemische Signale von außen zu erkennen. Diese Signale können Wachstumshormone oder Proteinteile von Krankheitserregern sein. Auf diese Signale hin starten die Kinasen eine Reaktion in der Zelle.

Die von Pflanzenforschern als Modell genutzte Pflanze *Arabidopsis thaliana* (Ackerschmalwand) enthält über 600 dieser Rezeptorkinasen - zehnmal mehr als der Mensch. Diese sind wichtig für das Wachstum und die Entwicklung der Pflanze, deren Immunantwort und die Reaktionen auf Stress. Obwohl die Kinasen so wichtig für die Pflanze sind, kennt man erst eine Handvoll dieser Proteine. Noch weniger bekannt ist, wie diese Rezeptoren interagieren, um die oft widersprüchlichen Signale zu verarbeiten.

In einer aufsehenerregenden Studie wurde nun ein umfassender Interaktionsplan einer der wichtigsten Rezeptorklassen veröffentlicht, der „Leucine-rich repeat receptor kinases“ (LRR-RKs). Daran teilgenommen haben drei österreichische, zwei kanadische, zwei US-amerikanische und eine britische Forschungsgruppe. Geleitet wurde die Studie von Youssef Belkhadir vom Wiener Gregor Mendel Institut für Molekulare Pflanzenbiologie der Österreichischen Akademie der Wissenschaften (ÖAW). Die Studie wurde am Mittwoch unter dem Titel „An extracellular network of Arabidopsis leucine-rich repeat receptor kinases“ im renommierten Fachjournal Nature online publiziert.

Dr. Belkhadir: „Über diese Studie hinaus zeigt unsere Arbeit, wie die Zusammenarbeit auf dem Gebiet der Life Sciences Grenzen und technische Hindernisse überwinden kann, um sich mit wichtigen biologischen Fragen zu beschäftigen - das ist für mich der bemerkenswerteste Aspekt.“

Das die Studie leitende Labor von Belkhadir hat dabei ein Prüfverfahren mit einem hohen Datendurchsatz entwickelt, um die Interaktionen zwischen den Rezeptoren paarweise zu testen. Dabei kloneten sie über 400 extrazelluläre LRR-RKs und führten 40.000 Tests durch. Es wurde getestet, wie jedes Protein mit den anderen interagiert. Daraufhin haben die Forscher einen Plan erstellt, auf der alle Interaktionen verzeichnet sind.

Mit ihrer umfangreichen Erfahrung auf dem Gebiet der experimentellen Systembiologie und der Netzwerk-Informatik haben die leitenden Ko-Autoren Prof. David Guttman und Prof. Darrell Desveaux von der University of Toronto (Canada) diese Interaktionskarte analysiert. Dabei nutzten sie verschiedene Algorithmen um verschiedene Hypothesen zu erzeugen. Diese wiederum wurden in den Labors von Belkhadir und Zipfel validiert. Die Gruppe von Prof. Cyril Zipfel am Sainsbury Laboratory (TSL) in Norwich (UK) hat dazu ihr einzigartiges weltweit anerkanntes Know-how für anspruchsvolle molekulare Mechanismen zur Verfügung gestellt. Das Labor von Prof. Shahid Mukhtar an der University of Alabama at Birmingham (USA) untersuchte die Interaktionen mit den Rezeptoren innerhalb der Zelle.

„Diese Arbeit ist das Resultat einer außergewöhnlichen Teamarbeit, die eine einzigartige Bandbreite an Erfahrung erfordert hat“, so Belkhadir. „Nachdem wir den ersten Plan erzeugt haben, sind wir auf zwei große Überraschungen gestoßen“, sagt Dr. Adam Mott, einer der weiteren leitenden Ko-Autoren: „Erstens: LRR-RKs mit kleinen extrazellulären Domänen interagieren mit anderen LRR-RKs öfter als diejenigen mit großen Domänen. Das legt nahe, dass diese kleinen LRR-RKs sich dahin entwickelt haben, die Aktionen der

restlichen Rezeptoren zu koordinieren. Zweitens haben wir mehrere unbekannte LRR-RKs entdeckt, die für die Netzwerk-Integrität bedeutend sind.

Die wichtigste der neu entdeckten LRR-RKs nannten die Forscher APEX. Es wurde vermutet, dass es zu massiven Störungen im Netzwerk kommt, wenn diese entfernt würde - und tatsächlich wurden die betroffenen Pflanzen dadurch in der Entwicklung beeinträchtigt. Dr. Elwira Smakowska, erste Hauptautorin der Studie: „Wir haben herausgefunden, dass es ohne APEX zu bedeutenden Veränderungen in der Pflanzenentwicklung und bei den Immunreaktionen kommt, die von zwei weiteren LRR-RKs kontrolliert werden, die nicht mit APEX interagieren und sogar mehrere Netzwerkstufen entfernt sind. Das zeigt, dass unsere Karte genutzt werden kann um wichtige Rezeptoren zu finden, die mehrere unterschiedliche Pflanzen-Reaktionen beeinflussen.“

Belkhadir: „Das ist der erste große Schritt, um Licht in die Netzwerk-Eigenschaften von Rezeptor-Kinasen zu bringen. Die neu gefundenen Erkenntnisse hat unsere Denkweise über diese molekularen Sensoren verändert. Nur wenige Institutionen dieser Welt haben das Know-how, die Daten der Interaktionen dieser Proteine auszuwerten. Mein Labor ist gerade dabei, die Arbeit auf andere Rezeptorklassen der Arabidopsis auszuweiten - und auf Erntepflanzen. Unser Ziel ist es, wichtige Rezeptorkinasen zu identifizieren, die Stressreaktion bei Pflanzen ändern. Die Pflanzen könnten in weiterer Folge gegenüber Umweltstress wie globale Erwärmung und Krankheitserreger widerstandsfähiger gemacht werden.“

DOI: <http://dx.doi.org/10.1038/nature25184>

Über das Gregor Mendel Institut

Das Gregor Mendel Institut für Molekulare Pflanzenbiologie (GMI) wurde von der Österreichischen Akademie der Wissenschaften (ÖAW) im Jahr 2000 gegründet, um Spitzenforschung in der molekularen Pflanzenbiologie zu fördern. Das GMI gehört zu den weltweit wichtigsten Pflanzenforschungseinrichtungen. Mit mehr als 120 MitarbeiterInnen aus 35 Ländern erforscht das GMI primär die Grundlagen der Pflanzenbiologie, vor allem molekulargenetische Aspekte wie epigenetische Mechanismen, Populationsgenetik, Chromosomenbiologie, Stressresistenz und Entwicklungsbiologie. Das GMI befindet sich in einem modernen Laborgebäude der Österreichischen Akademie der Wissenschaften auf dem Campus des Vienna BioCenter, auf dem mehrere Forschungsinstitute sowie Biotechnologie-Firmen angesiedelt sind.

Für weitere Informationen wenden Sie sich bitte an:

Gregor Mendel Institut für Molekulare Pflanzenbiologie

gmi.oeaw.ac.at

J. Matthew Watson

james.watson@gmi.oeaw.ac.at

+43 1 79044 9101

floorfour LifeScience PR

www.floorfour.at

Mehrdokht Tesar

tesar@floorfour.at

+43-699-171 31 621

Thomas Kvicala

kvicala@floorfour.at

+43-660-444 00 47