

05. September 2005

Pressemitteilung

Einzigartige Landkarte des menschlichen Protein-Netzwerks erstellt

Wer arbeitet mit wem zusammen? Diese Frage haben Wissenschaftler des Nationalen Genomforschungsnetzes (NGFN) bei menschlichen Proteinen untersucht. Das Ergebnis ist eine weltweit einzigartige Karte, die 3.186 Protein-Wechselwirkungen zwischen 1.705 Proteinen darstellt. Darunter befinden sich auch bislang unbekannte Interaktionspartner von 195 krankheits-assoziierten Proteinen. „Wir haben den Grundstein dafür gelegt, dass jetzt sozusagen ein Schaltplan unseres Körpers erstellt werden kann. Die Karte hilft uns, die Funktionen der Proteine aufzuklären und die komplexen Vorgänge in unseren Zellen zu verstehen“, erklärt Prof. Erich Wanker vom Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin (MDC) in Berlin, der die Studie leitete. Das international einmalige Projekt konnten die Forscher mithilfe des Nationalen Genomforschungsnetzes (NGFN) realisieren – ein vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) initiiertes medizinisches Großprojekt. Das NGFN ermöglicht es den Wissenschaftlern systematisch die Gene und Proteine des Menschen zu erforschen, um so ihre Rolle bei Krankheiten zu verstehen.

Die Forscher hoffen, mithilfe der erstellten Karte auch Krankheiten zukünftig besser zu verstehen und neue Therapieansätze zu entdecken. So fanden sie zum Beispiel neue Interaktionspartner des Proteins Emerin (EMD): Eine mutierte Form des EMDs verursacht eine seltene und sehr schmerzhafte Form der Muskelschwäche, die so genannte Emery-Dreifuss Muskeldystrophie. „Unsere Interaktionskarte ermöglicht es, die Funktion von EMD und die Rolle seiner Proteinpartner bei der Entstehung dieser Muskeldystrophie aufzuklären“, so Wanker.

Die umfangreichen Untersuchungen zu menschlichen Protein-Wechselwirkungen waren nur mithilfe einer speziellen Technologie möglich: dem so genannten automatisierten Hefe-2-Hybrid-System.

GEFÖRDERT VOM

Bei dieser Methode werden Hefezellen eingesetzt, um die Bindungspartner der Proteine zu identifizieren. „Was früher mühsam mit der Hand durchgeführt werden musste, wird jetzt durch ein Robotersystem blitzschnell abgearbeitet“ erklärt Wanker. „Wir hätten es sonst niemals geschafft, über 25 Millionen einzelne Experimente durchzuführen, um zu überprüfen, ob bestimmte Proteinpaare miteinander zusammenarbeiten“. Wanker und sein Mitarbeiter Dr. Ulrich Stelzl entwickelten die Technologie vor vier Jahren.

Die Berliner Wissenschaftler haben ihre Ergebnisse auch im Internet veröffentlicht. Unter www.mdc-berlin.de/neuroprot/database.htm können Bindungspartner für jedes Protein abgefragt und als Graphik dargestellt werden.

Die Forschungsergebnisse sind jetzt in der Fachzeitschrift „Cell“ online erschienen (DOI: 10.1016/S0092867405008664).

Für weitere Informationen:

Projektmanagement NGFN, Projektträger im DLR

Dr. Olaf Krüger

Heinrich-Konen-Straße 1, 53227 Bonn

Tel.: 02 28/38 21-331

E-Mail: pm-ngfn@dlr.de

oder im Internet: www.ngfn.de

Pressestelle

Max-Delbrueck-Centrum fuer Molekulare Medizin (MDC) Berlin-Buch

Barbara Bachtler

Robert-Roessle-Str. 10, 13125 Berlin

Tel: 030/94 06 - 38 96

E-Mail: bachtler@mdc-berlin.de

Internet : www.mdc-berlin.de

www.mdc-berlin.de/neuroprot/database.htm

GEFÖRDERT VOM